

THESIS / THÈSE

MASTER EN SCIENCES INFORMATIQUES

Coregistration d'images médicales

contexte, modélisation du problème et sa traduction en une première conception
Orientée Objets

Seynave, Stéphane

Award date:
2002

[Link to publication](#)

General rights

Copyright and moral rights for the publications made accessible in the public portal are retained by the authors and/or other copyright owners and it is a condition of accessing publications that users recognise and abide by the legal requirements associated with these rights.

- Users may download and print one copy of any publication from the public portal for the purpose of private study or research.
- You may not further distribute the material or use it for any profit-making activity or commercial gain
- You may freely distribute the URL identifying the publication in the public portal ?

Take down policy

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

**FACULTÉS UNIVERSITAIRES NOTRE-DAME DE LA PAIX,
NAMUR**

INSTITUT D'INFORMATIQUE

RUE GRANDGAGNAGE, 21, B-5000 NAMUR (BELGIUM)

**Coregistration d'images médicales :
contexte, modélisation du problème
et sa traduction en une première
conception Orientée Objets.**

Stéphane SEYNAVE

**Mémoire présenté en vue de l'obtention
du grade de Licencié en Informatique**

Promoteur : Professeur Jean-Paul LECLERCQ

Co-Promoteur : M. Hubert MEURISSE

Année académique 2001 - 2002

Résumé

La pratique clinique actuelle conduit à manipuler de plus en plus d'images médicales. Les comparaisons de telles images issues d'une même ou de différentes modalités sont souvent indispensables au médecin praticien pour établir un bon diagnostic. Malheureusement, cette tâche paraît pour eux de plus en plus difficile à réaliser mentalement vu le caractère bruité des images ainsi que leur nombre croissant à apprécier. De plus, il peut également s'avérer nécessaire de les confronter à des images d'atlas anatomiques ou de bases de données pathologiques.

Il en découle qu'une aide à l'intégration de cette multitude de données se révèle donc fort utile et ce, de la manière la plus simple, rapide et automatique possible. Cette intégration passe idéalement par deux étapes. Tout d'abord, un alignement spatial des différentes images impliquées, connu sous le nom de coregistration. Ensuite, une visualisation adaptée de ces images coregistrées ou d'images paramétriques déduites de ces dernières afin d'analyser le résultat.

Bien que nous conversons un peu de la seconde étape dans ce travail, nous nous sommes essentiellement intéressés à la coregistration des images, que ce soit entre elles, avec un atlas ou une base de données. En effet, de nombreuses méthodes ont été publiées, indiquant qu'il s'agit d'un problème pratique d'une extrême importance et que la méthode idéale n'existe toujours pas.

Nous introduisons donc tout d'abord la question de la coregistration de deux images de la manière la plus complète possible, en la plaçant dans son contexte ainsi qu'en la définissant précisément. De là, nous en déduisons un modèle mathématique sous la forme d'un problème d'optimisation, faisant intervenir les quatre éléments "parties intégrantes" de toute méthode de coregistration proprement dite... A savoir les caractéristiques que l'on peut extraire des images impliquées et sur lesquelles s'appuient la coregistration, la transformation que l'on va appliquer à la seconde image pour la faire correspondre avec la première, la fonctionnelle d'appariement permettant de quantifier et de maximaliser de la meilleure manière qui soit la similarité entre ces deux images, et enfin, la procédure d'optimisation de la recherche des paramètres optimaux de la transformation à effectuer qui sera adoptée afin que le temps de calcul inhérent ne soit pas démesuré.

Finalement, vu que les méthodes de coregistration se présentent habituellement tant au point de vue conception que celui de l'implémentation uniquement de façon procédurale, nous proposons une première traduction de notre modélisation exposée auparavant en une vision de conception orientée objets en quatre couches permettant d'englober le plus génériquement possible l'ensemble des méthodes que l'on rencontre de nos jours.

Abstract

The current clinical practice leads to handle more and more medical images. The comparisons of such images coming from identical or various methods are often essential to the practitioner to make a good diagnostic. Unfortunately, this task appears for them more and more difficult to realize mentally considering the disturbed nature of the images as well as their number growing to appreciate. Moreover, it can also turn out to be necessary to confront them with images of anatomical atlases or pathological data bases.

It results from this that an assistance to the integration of this multitude of data appears thus extremely useful and this, in the simplest, fastest and most automatic possible way. This integration passes ideally by two stages. At first, a space alignment of the various implicated images, known under the name of registration. Then, an adapted visualization of these registered images or of parametric images deduced from these last in order to analyze the result.

Although we converse a little of the second stage in this work, we were mainly interested in the registration of the images, either between them, or with an atlas or a data base. Indeed, many methods have been published, indicating that it's a question of a practical problem of extreme importance and that the ideal method doesn't exist yet.

We thus introduce at first the question of the registration of two images in the most complete possible way, by placing it in its context and by defining it precisely. From there, we deduce a mathematical model from it in the form of a problem of optimization, utilizing the four elements "integral parts" of any method of registration itself... namely the characteristics one can extract from the implicated images and on which lean the registration, the transformation one will apply to the second image to make it correspond with the first one, the functional calculus of pairing allowing to quantify and maximalize in the best way which is the similarity between these two images, and finally, the procedure of optimization of the research of the optimal parameters of the transformation to be carried out which will be adopted so that the inherent computing time is not disproportionate.

Finally, seeing that the methods of registration arise usually as well at the design point of view as that of the implementation only in a procedural way, we propose a first translation of our modeling exposed before in a vision of oriented objects design in four layers allowing to include the most generically possible the whole of the methods one meets nowadays.

Remerciements

Un tel travail n'a pu aboutir sans aide ou conseils. De même, il n'a pu s'agencer dans cet ordre que par la bonne volonté, le soutien et la patience d'un nombre astronomique de personnes.

Je tiens donc tout d'abord à remercier tous ceux sans qui une telle entreprise n'aurait pu voir le jour... et plus particulièrement :

- le Professeur *Jean-Paul Leclercq* pour avoir accepté de promouvoir ce mémoire ainsi que, bien entendu, pour ces remarques positives et pragmatiques dans le cadre de la rédaction de ce travail,
- M. *Hubert Meurisse* pour sa collaboration active, sa disponibilité, son aide inestimable, ses critiques constructives qui m'ont guidé jusqu'à l'aboutissement de ce mémoire, pour ses discussions sur tout et sur rien assez plaisantes, ainsi que pour les nombreuses fois où il est passé me chercher pour aller travailler avec lui au sein du *service de Médecine Nucléaire des Cliniques Universitaires de Mont-Godinne*,
- M. *Tri Vu Khac*, qui le premier m'a apporté ses conseils et commentaires afin de m'aiguiller dans le monde complexe de l'imagerie médicale et de la coregistration.

J'adresse ensuite mes remerciements et ma gratitude les plus sincères et les plus chaleureux à tous les "potes" de la Rue Wodon, c-à-d *Jean-Carl, Sébastien, Laetitia, Geneviève, Fanny, Charlotte, Claude, Thomas et Jean-Philippe*. Surtout à *Sébastien* pour sa compréhension de la difficulté que représente un tel travail et les encouragements qui vont avec, pour ses conseils judicieux, et spécialement pour les débats enrichissants aussi bien scientifiques que politiques que l'on a eus ensemble.

Je n'omets pas non plus *Abdo Bereikdar* ainsi que les autres membres de l'équipe *EMIM*, à savoir *Cécile Hayez* et *Liliane Bahali*, pour leur bonne humeur, leur prodigieux enthousiasme, leur appui sans faille et l'incroyable ambiance qu'ils ont réussi à instaurer au bureau; ce qui a permis un travail des plus agréables.

Merci également aux nombreuses personnes et amis que j'ai eu le plaisir de rencontrer et côtoyer quotidiennement durant mon long parcours aux Facultés. Je citerai particulièrement *Louis, Tomas, Pierre, Johannes, Radu, Gérard, Yves, Simon, Stéphane, Christophe, Marie, Valérie, Christelle, Angélique, Marc, Fabian, Bénédicte*, et les deux *Arnaud*. Je ne peux évoquer tout le monde mais je pense bien à eux. Encore mille excuses à tous ceux que j'oublie...

Finalement, il me reste à remercier ma famille et mes proches pour m'avoir fait preuve d'un soutien sans limite et de tous les instants tout le long de mes études. Je leur en suis infiniment reconnaissant et redevable, eux qui m'ont supporté tous ces longs mois sans trop me reprocher parfois mes sautes d'humeur, et qui ont tout fait pour relativiser tout cela afin que je reste quand même dans le monde du réel !

Merci donc à ma tendre *Sophie* pour son appui, sa patience, et toutes les choses partagées depuis notre rencontre. Merci à toi *Vincent* pour la fidélité de ton amitié. Merci à vous *Papa, Maman, Parrain, Audrey, Fabien*, et *Sandra*. Merci à mes grands-parents pour leur sagesse et d'être restés parmi nous !

Table des matières

Introduction.....	Erreur ! Signet non défini.
Chapitre 1.....	Erreur ! Signet non défini.
Prélude au monde de l'imagerie médicale.....	Erreur ! Signet non défini.
1.1 L'imagerie médicale moderne	Erreur ! Signet non défini.
1.2 Historique de l'imagerie médicale	Erreur ! Signet non défini.
1.3 Revue des principales modalités en imagerie médicale	Erreur ! Signet non défini.
1.3.1 L'imagerie analogique (ou classique)	Erreur ! Signet non défini.
1.3.2 L'imagerie numérique (ou digitalisée).....	Erreur ! Signet non défini.
1.3.2.1 La Tomodensitométrie (ou le Scanner X).....	Erreur ! Signet non défini.
1.4 Types d'images médicales	Erreur ! Signet non défini.
1.4.1 les images anatomiques	Erreur ! Signet non défini.
1.4.2 Les images fonctionnelles	Erreur ! Signet non défini.
Chapitre 2.....	Erreur ! Signet non défini.
Succession des différentes manipulations appliquées aux images médicales, de leur acquisition à leur interprétation.....	Erreur ! Signet non défini.
2.1 Notion d'image digitale	Erreur ! Signet non défini.
2.1.1 Résolution d'une image	Erreur ! Signet non défini.
2.1.2 Couleurs et visualisation d'une image	Erreur ! Signet non défini.
2.1.3 Stockage d'une image dans un fichier	Erreur ! Signet non défini.
2.2 De l'acquisition à l'interprétation des images médicales numériques	Erreur ! Signet non défini.
non défini.	
2.2.1 Acquisition de l'image	Erreur ! Signet non défini.
2.2.2 Numérisation et Reconstruction de l'image.....	Erreur ! Signet non défini.
2.2.3 Visualisation de l'image	Erreur ! Signet non défini.
2.2.4 Prétraitement de l'image	Erreur ! Signet non défini.
2.2.4.1 La restauration d'images	Erreur ! Signet non défini.
2.2.4.1.1 Le débruitage	Erreur ! Signet non défini.
2.2.4.1.2 La correction des distorsions (ou du biais)	Erreur ! Signet non défini.

2.2.4.2	Modification du contraste d'une image.....	Erreur ! Signet non défini.
2.2.5	Analyse et Description de l'image	Erreur ! Signet non défini.
2.2.5.1	Segmentation des images.....	Erreur ! Signet non défini.
2.2.5.1.1	Les différentes approches de la segmentation .	Erreur ! Signet non défini.
2.2.5.1.2	Les principaux axes de recherche actuels en segmentation	Erreur ! Signet non défini.
2.2.5.2	Coregistration d'images	Erreur ! Signet non défini.
2.2.5.2.1	Le Parallel Display	Erreur ! Signet non défini.
2.2.5.2.2	Visualisation par superposition d'images.....	Erreur ! Signet non défini.
2.2.5.2.3	Quelques commentaires sur les techniques de visualisation basées sur la superposition	Erreur ! Signet non défini.
2.2.6	Interprétation	Erreur ! Signet non défini.
Chapitre 3.....		Erreur ! Signet non défini.
La coregistration d'images médicales		Erreur ! Signet non défini.
3.1	Définition de la coregistration et domaines d'application	Erreur ! Signet non défini.
3.2	Coregistration dans le cas de l'imagerie médicale.....	Erreur ! Signet non défini.
3.3	Les différentes étapes de réalisation de la coregistration	Erreur ! Signet non défini.
3.4	Traduction mathématique du problème de la coregistration	Erreur ! Signet non défini.
3.5	Traitements annexes à la coregistration	Erreur ! Signet non défini.
3.5.1	Les prétraitements	Erreur ! Signet non défini.
3.5.2	Post-traitements	Erreur ! Signet non défini.
3.6	Les quatre éléments sur lesquels se base univoquement toute méthode de coregistration	Erreur ! Signet non défini.
3.6.1	L'espace des caractéristiques	Erreur ! Signet non défini.
3.6.1.1	Caractéristiques extrinsèques au patient (objets introduits dans l'espace image)	Erreur ! Signet non défini.
3.6.1.2	Caractéristiques intrinsèques au patient.....	Erreur ! Signet non défini.
3.6.1.2.1	Caractéristiques iconiques, c-à-d basées sur les propriétés des voxels	Erreur ! Signet non défini.

3.6.1.2.2	Caractéristiques géométriques	Erreur ! Signet non défini.
3.6.2	L'espace de recherche.....	Erreur ! Signet non défini.
3.6.2.1	La classification des transformations.....	Erreur ! Signet non défini.
3.6.2.1.1	Transformations rigides	Erreur ! Signet non défini.
3.6.2.1.2	Transformations semi-rigides.	Erreur ! Signet non défini.
3.6.2.1.3	Transformations élastiques	Erreur ! Signet non défini.
3.6.3	La fonctionnelle d'appariement	Erreur ! Signet non défini.
3.6.3.1	Cas des algorithmes déterministes.....	Erreur ! Signet non défini.
3.6.3.2	Cas des algorithmes itératifs.....	Erreur ! Signet non défini.
3.6.3.2.1	Les Fonctionnelles basée sur la notion de corrélation	Erreur ! Signet non défini.
3.6.3.2.2	Les fonctionnelles basées sur la notion de distance	Erreur ! Signet non défini.
3.6.3.2.3	Les fonctionnelles basées sur la théorie de l'information	Erreur ! Signet non défini.
3.6.3.2.4	Les fonctionnelles basées sur les modèles déformables et la notion de démons	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4	La procédure d'optimisation	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.1	Les procédures quasi-exhaustives.....	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.2	Les procédures quadratiques.....	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.2.1	La méthode dite de <i>descente de gradient</i> (ou le <i>HILL CLIMBING</i>)...	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.3	Les procédures stochastiques ou statistiques	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.3.1	Descente stochastique.....	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.3.2	Algorithmes génétiques	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.4	Les procédures structurelles	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.4.1	La programmation dynamique.....	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.5	Les procédures heuristiques.....	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.5.1	Le hachage géométrique	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.5.2	La relaxation	Erreur ! Signet non défini.
3.6.4.6	Les procédures multi-résolutions.....	Erreur ! Signet non défini.

3.6.4.7	Les procédures hybrides	Erreur ! Signet non défini.
3.7	Classification des différentes techniques de coregistration..	Erreur ! Signet non défini.
3.7.1	La dimension du recalage	Erreur ! Signet non défini.
3.7.2	Les caractéristiques sur lesquelles s'appuie la coregistration	Erreur ! Signet non défini.
3.7.3	Le type de transformation utilisé.....	Erreur ! Signet non défini.
3.7.4	Le domaine de la transformation.....	Erreur ! Signet non défini.
3.7.5	Les modalités concernées par le recalage.....	Erreur ! Signet non défini.
3.7.5.1	Recalage monomodal.....	Erreur ! Signet non défini.
3.7.5.2	Recalage multimodal	Erreur ! Signet non défini.
3.7.6	Les sujets utilisés pour la coregistration.....	Erreur ! Signet non défini.
3.7.7	Le degré d'interaction de l'utilisateur	Erreur ! Signet non défini.
3.7.8	La procédure d'optimisation employée	Erreur ! Signet non défini.
3.7.9	Les objets recalés	Erreur ! Signet non défini.
3.7.10	Remarque.....	Erreur ! Signet non défini.
Chapitre 4.....		Erreur ! Signet non défini.
Première ébauche de conception Orientée Objets du problème de la coregistration		Erreur ! Signet non défini.
4.1	Intérêt d'une conception Orientée Objets	Erreur ! Signet non défini.
4.2	Notre Modélisation Orientée Objets de la coregistration	Erreur ! Signet non défini.
4.2.1	Les Design Patterns utilisés dans notre conception Orientée Objets	Erreur ! Signet non défini.
4.2.1.1	Qu'est-ce qu'un <i>Design Pattern</i> ?.....	Erreur ! Signet non défini.
4.2.1.2	Les trois grandes classes de <i>Design Patterns</i>	Erreur ! Signet non défini.
4.2.1.3	Intérêts et apports des <i>Design Patterns</i>	Erreur ! Signet non défini.
4.2.1.4	Comment se décrivent ces <i>Design Patterns</i> ?.....	Erreur ! Signet non défini.
4.2.1.5	Brève présentation des trois <i>Design Patterns</i> utilisés dans notre conception orientée objets	Erreur ! Signet non défini.
4.2.1.5.1	Le Design Pattern <i>Composite</i>	Erreur ! Signet non défini.
4.2.1.6	Le Design Pattern <i>Stratégie</i>	Erreur ! Signet non défini.

4.2.1.7 Le Design Pattern <i>Singleton</i>	Erreur ! Signet non défini.
4.2.2 Les Schémas et leurs commentaires	Erreur ! Signet non défini.
Conclusion	Erreur ! Signet non défini.
Annexe 1	Erreur ! Signet non défini.
Les PACS	Erreur ! Signet non défini.
Annexe 2	Erreur ! Signet non défini.
Les principales modalités d'images médicales numériques	Erreur ! Signet non défini.
2.1 La Résonance Magnétique (IRM)	Erreur ! Signet non défini.
2.2 Scintigraphie.....	Erreur ! Signet non défini.
2.2.1 Les deux techniques scintigraphiques	Erreur ! Signet non défini.
2.2.1.1 La technique TEMP.....	Erreur ! Signet non défini.
2.2.1.2 La technique TEP	Erreur ! Signet non défini.
2.3 Échographie et Doppler.....	Erreur ! Signet non défini.
Annexe 3	Erreur ! Signet non défini.
Rappel sur quelques notions mathématiques	Erreur ! Signet non défini.
3.1 Métrique et distance	Erreur ! Signet non défini.
3.2 Voisinage et connexité	Erreur ! Signet non défini.
Annexe 4	Erreur ! Signet non défini.
Les espaces de couleurs	Erreur ! Signet non défini.
4.1 Le système <i>RGB</i>	Erreur ! Signet non défini.
4.2 Le système <i>CMY(K)</i>	Erreur ! Signet non défini.
4.3 Le système <i>HSV</i> (appelé aussi <i>HSB</i>)	Erreur ! Signet non défini.
Annexe 5	Erreur ! Signet non défini.
La norme et le format d'images DICOM	Erreur ! Signet non défini.
5.1 Pourquoi un format spécifique pour les images médicales ?	Erreur ! Signet non défini.
5.2 Le fichier <i>DICOM</i>	Erreur ! Signet non défini.
5.3 En conclusion.....	Erreur ! Signet non défini.
Annexe 6	Erreur ! Signet non défini.
Autres domaines intéressants et en devenir liés au traitement d'images médicales	Erreur ! Signet non défini.

6.1	Analyse du mouvement	AErreur ! Signet non défini.
6.2	Simulation de chirurgie	AErreur ! Signet non défini.
6.3	Réalité virtuelle	AErreur ! Signet non défini.
6.4	Morphométrie.....	AErreur ! Signet non défini.
Annexe 7		AErreur ! Signet non défini.
Quelques autres fonctionnelles et procédures d'optimisation intéressantes		AErreur ! Signet non défini.
7.1	Fonctionnelles	AErreur ! Signet non défini.
7.1.1	La distance de HAUSSDORFF	AErreur ! Signet non défini.
7.1.2	Le " <i>Head and Hat</i> "	AErreur ! Signet non défini.
7.2	Procédures d'optimisation	AErreur ! Signet non défini.
7.2.1	Méthode de POWELL	AErreur ! Signet non défini.
7.2.2	Méthode ICP	AErreur ! Signet non défini.
7.2.3	Recuit simulé.....	AErreur ! Signet non défini.
Annexe 8		AErreur ! Signet non défini.
Notations adoptées dans nos schémas de modélisation		AErreur ! Signet non défini.
8.1	Diagramme de classe.....	AErreur ! Signet non défini.
8.2	Diagramme d'objet	AErreur ! Signet non défini.
8.3	Diagramme de séquence.....	AErreur ! Signet non défini.
Références et		Bibliographie
Erreur ! Signet non défini.		

Introduction

La pratique médicale s'est considérablement transformée depuis ces vingt dernières années, et ceci par le biais de la révolution technique qu'a connue l'imagerie médicale. L'imagerie est désormais partout. Ses progrès ont modifié profondément sa pratique, et notamment la chirurgie. Des millions d'images médicales tridimensionnelles sont produites chaque année dans le monde pour établir un diagnostic ou contrôler, guider une action thérapeutique. Ces images proviennent principalement du tomodensitomètre à rayons X (scanner), de l'imagerie par résonance magnétique (IRM), de l'imagerie ultrasonore (échographie), ou encore de l'imagerie de médecine nucléaire (gammagraphie)¹.

Par conséquent, nous pouvons affirmer que, de nos jours, la machine joue un rôle considérable aussi bien dans le diagnostic que lors du suivi thérapeutique. En effet, les médecins disposent dorénavant de davantage d'informations sur le corps humain. Ainsi, l'échographie a rendu possible une surveillance fréquente et vigilante des grossesses. Autre exemple, la tomodensitométrie² qui a permis de visualiser pour la première fois l'intérieur du corps humain sous la forme d'images en coupes.

Le médecin demeure évidemment toujours lecteur et arbitre, mais c'est l'informatique et les images médicales qui fournissent des informations sur la forme et le fonctionnement des organes du corps humain. L'imagerie permet donc de voir à travers le corps de façon quasi non-invasive afin de détecter le mal sans avoir besoin du bistouri chirurgical et surtout de certaines interventions chirurgicales délicates. En outre, nous pouvons affirmer sans nous tromper qu'elle a contribué à une meilleure compréhension du fonctionnement jusque là très ténébreux pour les médecins de certains organes de notre corps.

Longtemps limitée aux rayons X, l'imagerie intègre aujourd'hui l'élasticité tissulaire et les conséquences de la réflexion des ultrasons, aussi bien que les noyaux atomiques de l'imagerie de résonance magnétique. L'informatique contribue non seulement à l'acquisition et la reconstruction des images mais aussi à leur analyse et à leur interprétation. Elle permet, en jouant sur les images, la distinction d'informations anatomiques ou métaboliques autrefois difficilement détectables.

Malheureusement, ces informations sont extrêmement difficiles à exploiter de manière quantitative et objective. En effet, bien que les images tridimensionnelles soient originellement numériques, leur examen est typiquement réalisé en observant sur un support analogique³, une succession de coupes bidimensionnelles... d'où une difficulté certaine à percevoir les objets dans leur globalité, d'autant plus lorsque plusieurs images doivent être étudiées simultanément. Le résultat est généralement purement qualitatif et subjectif.

Le développement parallèle des sciences informatiques a fait naître l'idée que des outils logiciels pourraient aider le praticien dans son travail. La création de tels outils logiciels dédiés à l'analyse d'images médicales doit donc permettre d'optimiser leur exploitation, pour le plus grand bénéfice du patient et du médecin, c-à-d idéalement d'automatiser l'accès aux informations pertinentes fournies par les images médicales. Nous présentons brièvement ci-dessous les potentialités actuelles et futures offertes par le traitement informatique des images médicales.

De nouveaux outils pour le diagnostic

L'analyse des images médicales peut offrir un ensemble de nouveaux outils d'aide au diagnostic. Parmi ceux-ci, on peut notamment citer :

1. **L'extraction de paramètres quantitatifs objectifs sur les formes et leur texture.** Ceci doit pouvoir être appliqué à n'importe quelle structure anatomique en trois dimensions.

1 Nous ferons une brève présentation de toutes ces techniques dans le chapitre suivant et dans les annexes.

2 On verra ultérieurement en quoi elle consiste.

3 Un film radiographique en fait.

2. **La détection de changements entre deux images.** On doit offrir au médecin une détection automatique et une mesure quantitative de tous les changements apparus entre deux images acquises avec la même modalité⁴ sur le même patient à deux instants différents. Ceci peut servir à établir un diagnostic plus précoce, mais surtout à évaluer l'efficacité d'un traitement thérapeutique.
3. **La fusion d'informations provenant de plusieurs modalités.** On doit pouvoir combiner les informations complémentaires sur un même patient provenant de modalités d'imagerie différentes, en les superposant dans un référentiel commun.
4. **La comparaison des images de deux patients différents.** Il faut concevoir des outils permettant de confronter les images provenant d'une même modalité, mais correspondant à des patients différents. Ces outils doivent permettre de comparer la nature et la gravité de pathologies similaires, ou bien d'extraire des images présentant certaines similitudes dans une base de données d'images.
5. **La construction d'atlas anatomiques et fonctionnels "probabilistes".** La comparaison automatique d'images de patients différents doit permettre de construire des représentations statistiques des formes et des intensités dans les images. Ces atlas peuvent servir à interpréter précisément la localisation de structures dans n'importe quelle image médicale, ainsi qu'à détecter et mesurer quantitativement toute variation anormale.
6. **La visualisation volumique et dynamique des images.** L'analyse qualitative des images 3D et 4D par le médecin doit bénéficier de nouveaux modes de visualisation : par exemple, la visualisation dynamique 3D des organes ou des articulations en mouvement.

De nouveaux outils pour la thérapeutique

Lorsque le diagnostic est établi, les images médicales peuvent encore jouer un rôle important pour la simulation, le contrôle et la validation de la thérapeutique, dans des domaines aussi variés que la chirurgie traditionnelle, la radiologie interventionnelle, ou la chimiothérapie.

7. **La Simulation :** On peut utiliser les informations géométriques et fonctionnelles fournies par les images médicales 3D pour construire le modèle d'un patient virtuel. Un tel modèle doit permettre de simuler un ou plusieurs protocoles thérapeutiques, afin d'en évaluer précisément les effets. Le modèle peut être construit à partir des images d'un sujet standard et servir à l'enseignement et à l'entraînement de certains gestes thérapeutiques. Le modèle peut être affiné à loisir pour modéliser des pathologies rares ou des gestes complexes. Pour la pratique médicale courante, le modèle peut être adapté à l'anatomie d'un patient spécifique grâce à ses images médicales. Ceci doit permettre d'expérimenter et d'évaluer à l'avance la meilleure thérapeutique possible pour ce patient⁵.
8. **Le Contrôle :** Pendant une intervention chirurgicale, les images médicales du patient peuvent aider à contrôler l'intervention. En effet, des techniques avancées doivent fournir la possibilité de superposer sur le patient lui-même, ou bien sur son image vidéo, des structures anatomiques ou pathologiques provenant d'images acquises avant ou pendant l'intervention. Ceci doit clairement permettre de confirmer la localisation d'un geste médical⁶ avant que ce geste ne soit effectivement réalisé.
9. **La Validation :** Finalement, les outils de comparaison d'images conçus pour l'aide au diagnostic doivent également permettre de comparer les images acquises avant et après une thérapie, afin d'évaluer de manière quantitative ses effets.

Plan du mémoire

⁴ Nous expliciterons ce terme au chapitre suivant. Disons que des images de modalité identique ont été produites par la même technique d'acquisition.

⁵ On peut ainsi imaginer que les simulateurs médicaux deviennent à terme aussi populaires pour les chirurgiens que les simulateurs de vol pour les pilotes d'avions.

⁶ Par exemple une incision ou l'insertion d'une prothèse.

Maintenant que nous avons brièvement planté le "*décor*" du monde des images médicales et de leur intérêt, dans le temps présent et pour le futur, nous pouvons fournir des précisions concernant le cheminement adopté dans la confection de ce mémoire.

Nous allons tout d'abord converser de l'univers de l'imagerie médicale. Plus particulièrement de son "*histoire*", des *différentes techniques contemporaines d'acquisition d'images*⁷ ainsi que de la distinction entre une *image anatomique* et une *image fonctionnelle*. Cela étant fait, nous indiquerons ce que l'on entend exactement par le mot "*image*" en informatique médicale et exposerons sommairement *les stades successifs* par lesquels passent les images médicales *de leur acquisition à leur interprétation* en détaillant notamment quelques aspects de ce qu'on appelle communément le *traitement d'images*.

Par après, nous exposerons en quoi consiste exactement le sujet central de ce mémoire, ce qu'on appelle la *coregistration* d'images. Une fois le problème du *recalage*⁸ correctement décrit, nous en proposons alors une première traduction en une conception orientée objets. Ce qui permet de considérer le problème non plus uniquement du point de vue procédural mais aussi du point de vue description d'information.

Méthodologie adoptée lors du développement du mémoire

En premier lieu, il s'est montré nécessaire d'explorer un grand nombre d'articles de référence sur la *coregistration*, issus bien évidemment de scientifiques à renommée internationale, afin de nous faire une idée de ce que cela représente vraiment⁹ et de ce que cela peut réellement rapporter aux praticiens.

Par après, une fois que les différents concepts inhérents à la coregistration, comme les recalages rigide et élastique ou la relativement grande diversité des formats d'images médicales, se sont révélés relativement bien assimilés, nous avons essayé de trouver un fil conducteur permettant à terme de spécifier mathématiquement la tâche de coregistration.

De la sorte, cette partie du travail est revenue à l'élaboration d'une sorte d'*état de l'art* reprenant une définition la plus claire possible du problème du recalage ainsi qu'un éclaircissement sur la réalisation proprement dite de toute méthode de coregistration, qui repose toujours sur les quatre mêmes composantes, à savoir :

1. les ***caractéristiques*** sur lesquelles s'appuie le recalage¹⁰;
2. la ***transformation***¹¹ appliquée à l'une des images afin de l'apparier à l'autre¹²;
3. la ***fonctionnelle d'appariement***, plus souvent rencontrée dans la littérature sous le vocable de ***mesure de similarité***, qui va permettre d'optimiser la qualité du recalage;
4. et finalement, la ***procédure d'optimisation*** de la recherche des paramètres (ou *procédure d'exploration des paramètres*) de la transformation à effectuer.

Nous avons également fourni divers critères de classification possibles pour les différentes méthodes de coregistration rencontrées jusqu'à maintenant et présenté quels sont les rapports que l'on peut éventuellement établir entre ces quatre composantes et les critères de classification proposés préalablement.

Ensuite, nous nous sommes attelés, et c'est là que réside l'originalité par rapport à ce qui a déjà été réalisé dans le passé, à tenter de fournir un modèle conceptuel orienté objets¹³ en quatre couches, le

⁷ Analogiques ou numériques.

⁸ Synonyme de *coregistration*.

⁹ Le vocabulaire d'un coin à l'autre du monde n'est pas toujours le même. Ou un même terme a des significations particulières complètement différentes... Ce qui prête à confusion.

¹⁰ Ce que l'on voit généralement dans la littérature sous la dénomination d'*espace des caractéristiques*.

¹¹ On parlera d'*espace de recherche* ou d'*espace des transformations possibles*.

¹² Appelée alors *image de référence*.

plus large et générique possible du problème de la coregistration et qui soit par la suite implémentable. Le but ultime de cette démarche orientée objets demeure, une fois implémentée, d'offrir à l'utilisateur l'opportunité de sélectionner parmi toutes les stratégies de réalisation de coregistration de deux images particulières, celles montrant le compromis le plus satisfaisant entre haute qualité de mise en correspondance et performances élevées en temps de calcul.

¹³ Conçu en *UML (Unified Modeling Language)*.

Chapitre 1

Prélude au monde de l'imagerie médicale

Dans un premier temps, après une introduction à l'imagerie médicale moderne et un bref historique de l'imagerie pour en arriver là, nous effectuons une présentation concise mais cependant suffisante des principales modalités d'images médicales contemporaines¹. Ensuite, nous exposons les deux différents types d'images utilisées par les médecins, à savoir les images anatomiques² et les images fonctionnelles.

1.1 L'imagerie médicale moderne

La pratique de la médecine moderne est désormais impensable sans le recours à l'imagerie médicale. A l'heure actuelle, il existe toute une panoplie de modalités³ d'imagerie reposant sur des bases physiologiques⁴ diverses et utilisant des signaux de natures physiques différentes⁵. Aussi, nous pouvons affirmer que **l'imagerie médicale dans son ensemble repose sur les trois principes physiques suivants** : la **transmission** (imagerie X), la **réflexion** (échographie), et l'**émission** (imagerie isotopique). Dans les trois cas, l'utilisation des ordinateurs a permis d'obtenir "*une image numérique médicale*" sans commune mesure avec ce que nous connaissons il y a encore seulement quelques années⁶. C'est ainsi que l'on distingue essentiellement :

1. Les **techniques radiographiques**⁷ mesurant l'atténuation des rayons X et qui se scindent en deux fractions : la *radiographie conventionnelle* utilisant comme support le film radiographique et la *radiographie digitalisée* reprenant le scanner X ainsi que l'angiographie conventionnelle⁸;
2. Les **techniques de résonance magnétique nucléaire**, c-à-d l'imagerie par résonance magnétique conventionnelle (IRM) ou fonctionnelle (IRMf) ainsi que la spectroscopie, fondées sur les propriétés magnétiques de certains noyaux stables;
3. Les **techniques de médecine nucléaire**, i.e. la tomographie par émission monophotonique (TEMP) ainsi que la tomographie par émission de positons (TEP), basées sur la détection externe de rayonnements gamma émis par des radio-isotopes au cours de leur désintégration;
4. Les **techniques s'appuyant sur les propriétés de propagation et de réflexion des ultrasons dans le corps** comme les échographies conventionnelle ou Doppler;
5. Et enfin, les techniques évaluant les champs électriques et magnétiques résultant de l'activité électrique du tissu cérébral : la magnéto-encéphalographie (MEG) et l'électro-encéphalographie (EEG).

¹ Telles que le scanner X, l'IRM, la TEMP, la TEP, la MEG et l'EEG que nous expliciterons ultérieurement soit dans la suite de ce chapitre, soit dans l'annexe 2.

² Appelées aussi *images morphologiques*.

³ Signalons en passant que ce que l'on appelle **modalité** en imagerie médicale représente généralement la **source d'une image** ou la **technique d'acquisition** de cette image.

⁴ Contrairement aux images photographiques (ou photos) qui sont des *images de recomposition*, les images médicales sont des *images de construction*. Ainsi, les images MEG ou EEG sont réalisées à partir de mesures des activités électriques de colonnes de neurones, tandis que les images TEMP ou TEP le sont en mesurant des paramètres liés au métabolisme de zones activées du cerveau par exemple.

⁵ Cela se traduit évidemment par des principes spécifiques de mesure.

⁶ Ces images auront des caractéristiques de sensibilité et de résolution différentes.

⁷ Le terme "*radiographie*" est initialement une *contraction* du mot *radiophotographie* et désigne le cliché obtenu à l'aide de rayons X.

⁸ Comme vous le voyez, aujourd'hui, le mot *radiographie* représente aussi l'ensemble des techniques d'imagerie utilisant les rayons X.

Il en existe d'autres... Cependant, nous n'en parlerons pas car elles ne présentent pas beaucoup d'intérêt par la suite dans le cadre de ce mémoire.

1.2 Historique de l'imagerie médicale

Jusqu'à la fin du dix-neuvième siècle, avant l'extraordinaire **découverte de l'existence des rayons X par le physicien allemand RÖNTGEN**, les structures internes du corps humain n'étaient accessibles à la vue que dans les salles d'opération ou de préparation anatomique. Tous les diagnostics cliniques reposaient sur l'anamnèse et l'approche superficielle du corps humain par l'inspection, la palpation, la percussion et l'auscultation.

Depuis, les images imprécises et floues du début du siècle dernier ont progressivement fait place à une **imagerie digitalisée d'une précision millimétrique, et même infra-millimétrique**, comportant une **résolution spatiale**⁹ et une **résolution en contraste**¹⁰ **élevées**, caractérisant presque tous les procédés d'imagerie en coupes existants. On peut donc dire sans se fourvoyer que, parmi toutes les innovations techniques touchant à la médecine, c'est la découverte des rayons X qui a bouleversé le plus rapidement et le plus profondément la pratique médicale.

Pour en revenir à l'évolution, aux progrès de l'imagerie médicale, le moins que l'on puisse dire est qu'ils n'ont pas été progressifs ou uniformes. On peut principalement distinguer deux grandes phases : une première, entrecoupée par les deux guerres mondiales, qui n'a connu que peu de progrès, et une seconde plus récente, caractérisée par une pléiade de bouleversements.

Première période : De 1895 au début des années 1970

Rendre l'homme transparent pour examiner l'intérieur de son organisme sans le mutiler, ce n'est qu'à la fin du XIXème siècle que ce rêve inouï, caressé par des générations de médecins, a commencé à prendre corps. En effet, c'est très exactement en date du 8 novembre 1895 que Conrad Wilhem RÖNTGEN¹¹ découvrit la première grande avancée en imagerie médicale, qui révolutionna aussi d'autres domaines de la recherche scientifique. Elle consistait en un système émettant des ondes particulières traversant le corps humain. Son principe se comprend assez facilement : une partie de ces ondes émises, appelées **Rayons X**¹², est absorbée par certains éléments du corps humain tandis que l'autre partie le transperce. Les ondes ressortant du corps imprègnent ensuite une plaquette photographique. Cette dernière représente alors un négatif des zones d'absorption des rayons. En la développant, on obtient une sorte de photo. De visu, on conclut alors aisément que les ondes absorbées l'ont été essentiellement par les os du corps. Ainsi, la première image médicale était née. C'était assez formidable car un moyen d'analyser le squelette apparaissait.

En 1896, la première radiographie à but clinique est réalisée. Par après, en 1913, COOLIDGE invente le tube générateur de Rayons X. Le développement de la radiographie X avec utilisation de plaques photographiques en résulte directement. Ce n'est cependant qu'en 1930 que les premières machines à rayons X et que les premières radiographies apparaissent dans les milieux hospitaliers.

Vers 1917, RADON développe une méthode de reconstruction d'images à partir de projections. Cette méthode innovante montre quelques différences majeures par rapport à la technique proposée par RÖNTGEN. Effectivement, dans cette dernière, le patient doit se trouver entre une source ponctuelle statique et la plaquette photographique. Les rayons X émis par la source sont bien sûr rectilignes. Dès lors, l'image imprégnée sur la plaquette est composée des ombres de certains organes, obtenues par

⁹ La résolution spatiale d'une image mesure la capacité à distinguer les points constituant un objet de cette image. Nous verrons plus tard qu'elle correspond dans le cas d'une image 2D, au nombre de pixels par unité de surface, et dans le cas d'une image 3D au nombre de voxels par unité de volume.

¹⁰ Celle-ci mesure l'aptitude à distinguer de petites différences d'intensité de niveaux de gris ou de couleurs. Elle correspond au nombre de bits par pixel/voxel.

¹¹ Il a d'ailleurs reçu pour cette découverte le premier prix Nobel de Physique en 1901.

¹² Rayonnements électromagnétiques dont la longueur d'onde est comprise entre 0,1 et 50 angströms environ.

projection des rayons X.

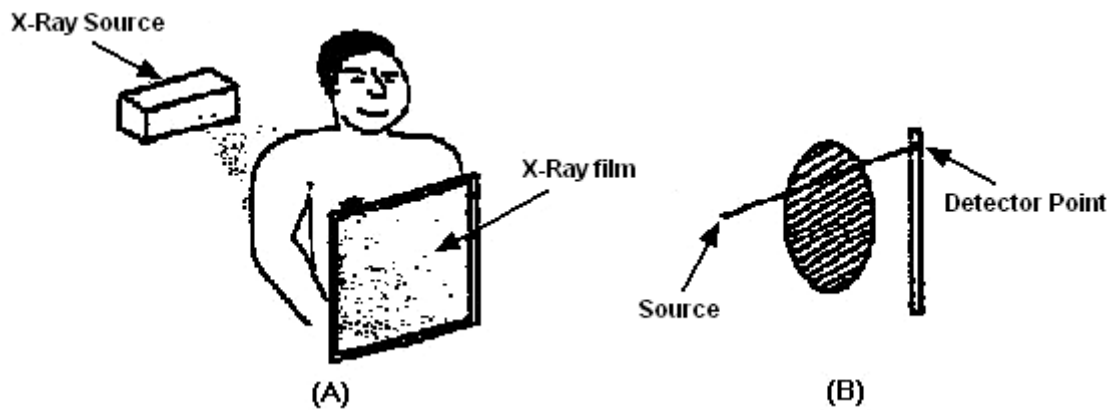


Figure 1.1 - Système conventionnel de radiographie ([Ouv 1]).

Cette technique de construction par projections qui, rappelons-le, est fort utile pour visualiser les structures osseuses ainsi que les masses anormalement denses absorbant particulièrement les rayons X pose néanmoins problème. Effectivement, l'image résultante peut perdre en précision. La taille d'un organe comme un poumon par exemple peut varier de quelques millimètres. En outre, elle présente l'inconvénient de fournir une image en projection de toute l'épaisseur du corps. Elle empêche donc la visualisation en profondeur dans la direction d'observation et ne permet pas de discriminer deux objets placés l'un derrière l'autre dans le sens de la propagation des ondes provenant de la source. L'objet résultant sera donc un objet composite constitué de la superposition des deux. C'est là que s'immisce la théorie de RADON : elle répond à ce problème et permet de le corriger.

Cette théorie se base en fait sur deux "éléments constitutifs" indissociables. Nous avons tout d'abord l'utilisation d'un couple émetteur-capteur¹³ mobile tournoyant tout autour du corps du patient; et ensuite l'application d'une technique de reconstruction des images "brutes" acquises via ce même couple émetteur-capteur. Tout cela s'explique assez facilement : si l'on tente de visualiser immédiatement les "données images" obtenues par la rotation du couple autour de la zone à examiner, le résultat donne des "images" composées d'un ensemble de sinusoides traversant l'écran, ne permettant aucune interprétation médicale directe. Il se révèle donc nécessaire, afin que l'on puisse visualiser quelque chose, de reconstruire ce "type d'images"¹⁴. C'est là que RADON est intervenu en inventant une première méthode permettant de reconstruire ces sinogrammes en de "véritables" images médicales visualisables. Ces dernières, appelées par après *images tomographiques*, sont vraiment utilisées à partir de la mise au point de la tomographie¹⁵... et éliminent le problème de la superposition des organes¹⁶ rencontré dans les images planaires.

Seconde période : Des années 1970 à nos jours

Jusque fin des années septante, malgré la mise au point en 1971 du scanner à rayons X par G. N. HOUNSFIELD¹⁷ et la construction de sa première version en 1975¹⁸, malgré le développement de l'échographie conventionnelle et Doppler, ainsi que l'introduction par P. LAUTERBOUR de l'imagerie par résonance magnétique, l'imagerie médicale se réduisait quasi uniquement à des images

¹³ Cela peut être une plaque photographique ou une caméra.

¹⁴ Remarquez que ces images sont appelées le plus souvent des *sinogrammes* et qu'elles sont engendrées par une multitude de techniques d'imagerie actuelles.

¹⁵ Le terme *tomographie* vient du grec *tomos* et signifie *coupe* ou *tranche*. En fait, comme nous le clarifierons plus tard, la tomographie permet de produire des images tridimensionnelles (3D) par l'empilement ordonné d'images bidimensionnelles (2D) représentant des coupes parallèles d'une partie du corps.

¹⁶ Nous comprendrons aisément pourquoi ultérieurement, dans la partie de ce travail expliquant le *principe tomographique*.

¹⁷ Prix Nobel de Médecine en 1979.

¹⁸ C'est effectivement en 1975 que la firme anglaise *E.M.I.* a mis au point le premier scanner à rayons X. Par une curieuse coïncidence, cette société fut aussi la maison de production des *Beatles*. Les bénéfices engrangés avec les "Quatre garçons dans le vent" auraient permis de soutenir les recherches pour mettre au point le coûteux appareil. Il semblerait que Paul VERLAINE ait eu raison lorsqu'il disait : "De la musique avant toute chose !".

radiologiques et permettait surtout la visualisation des os sur des projections en deux dimensions. L'informatique était peu visible dans le domaine et n'offrait, depuis une petite dizaine d'années, qu'une amélioration des images dont l'obtention pouvait être indépendante de tout système informatique.

A partir des années quatre-vingts, le développement de différents systèmes informatiques adaptés au monde médical¹⁹ et leur implication directe dans l'acquisition et la reconstruction des images²⁰ allait révolutionner le domaine : de nouvelles techniques d'imagerie médicale comme la tomodensitométrie²¹, l'imagerie par résonance magnétique, la tomographie par émission de positons ou de simples photons, l'angiographie numérisée ou l'échographie sont apparues ou/et développées. Depuis, elles se sont considérablement sophistiquées et autorisent par exemple à observer les réactions d'organes en direct ou à repérer avec une extrême précision d'infimes anomalies.

Aujourd'hui, l'imagerie médicale moderne permet d'explorer en profondeur le corps humain, sans soumettre le malade à une intervention chirurgicale. Elle tend incontestablement vers des types d'examen se révélant **les moins invasifs possibles**, réclamant un court temps d'exploration, ne sollicitant pas d'injection de produit de contraste ou alors dans le cas contraire d'un tel produit comportant un minimum d'effets indésirables, et dont la source énergétique (ultrasons, champ magnétique, rayons X ou gamma) soit aussi inoffensive que possible.

Les **images médicales**, en gagnant la troisième dimension, sont devenues le **résultat de calculs numériques** et **non de simples photos** comme en radiologie classique. Elles ont d'ailleurs pris une telle importance que l'on évalue actuellement que, pour une part considérable des cas d'hospitalisation, les techniques d'imagerie se sont révélées tout à fait indispensables pour le diagnostic et la thérapeutique.

Les progrès en imagerie médicale digitale²², spécialité somme toute assez récente, sont phénoménaux. Ils se caractérisent d'ailleurs par un développement des techniques si frénétique qu'il est difficile de creuser et d'exploiter simultanément toutes les voies ainsi tracées. Incontestablement, les recherches en imagerie médicale ont non seulement été réalisées en électronique et en physique dans le but de construire de meilleures machines plus fiables, mais aussi en chimie et en biologie. Des études sur le dosage de radiations et d'isotopes radioactifs administrés au corps d'un patient ont été accomplies. Les recherches en imagerie médicale recouvrent donc plusieurs domaines, et l'informatique lui apporte ses capacités de traitement de l'information et de manipulation d'images. Un exemple concret réside dans le fait que l'on assiste à une intégration croissante de plusieurs modalités d'imagerie jusque-là distinctes : scanner à rayons X combiné à la tomographie par émission de positons, scanner à rayons X couplé à l'angiographie, etc.

Finalement, depuis le début des années nonante, avec *Internet*, le concept de réseau informatique s'est véritablement élargi. Il est bien sûr destiné à répondre aux besoins de plus en plus cruciaux en archivage et en traitement ainsi qu'à la distribution au sein d'un hôpital de toutes les données concernant un malade. On assiste donc progressivement à la **mise en place de réseaux interhospitaliers ainsi que de communication d'images et de leurs commentaires sur des réseaux ouverts**. Ces derniers posent des problèmes spécifiques très intéressants, notamment de sécurité et de confidentialité. Néanmoins, nous n'approfondirons pas ces propos car ils sont quelque peu éloignés du sujet traité dans ce mémoire.

1.3 Revue des principales modalités en

¹⁹ Ces systèmes d'information, comme les RIS (*Radiological Information System*), les HIS (*Hospital Information System*), ou les PACS (*Picture Archiving and Communication Systems*), sont responsables de tout ce qui touche le milieu hospitalier : dossiers du personnel et des patients, fournitures en médicaments et matériel, planning des horaires et des interventions, images médicales,... Les PACS sont dédiés plus particulièrement à l'organisation au sein même de l'hôpital de réseaux d'images permettant la communication et l'archivage électronique. Nous en parlons un peu plus longuement dans les annexes et y renvoyons donc les personnes intéressées.

²⁰ Ce qu'on appelle couramment la *digitalisation* de l'image.

²¹ Ou *tomographie par rayons X informatisée*.

²² Appelée aussi *imagerie médicale numérique*.

imagerie médicale

Nous allons maintenant rapidement faire le **tour des principales modalités** d'acquisition d'images médicales²³. Les gens avertis ou experts dans ce domaine peuvent feuilleter plus rapidement cette section (ainsi que l'annexe 2). Mais pour les autres, cela leur permettra de se faire une **idée de la multiplicité** de ces modalités **existant de nos jours** ainsi que de **la complexité qui en résulte pour un médecin d'établir un diagnostic (ou une thérapeutique) précis**.

1.3.1 L'imagerie analogique (ou classique) ²⁴

L'imagerie dite "*classique*", bien que vieille de plus de cent ans, constitue toujours une part importante de l'imagerie médicale. Toutefois, elle vit très probablement ses dernières années... car elle subit un déclin régulier face aux récentes techniques. Les images produites sont obtenues par projection sur un film radiographique d'un faisceau de rayons X émis par une source ponctuelle, et modulé par les organes interposés. Elles sont ensuite visualisées par les médecins sur des négatoscopes²⁵. Le contraste naturel du corps humain est suffisant pour permettre à la radiologie classique de détecter les os ou les poumons²⁶, mais il est trop faible pour les autres tissus. On peut procéder à l'injection de substances pour rendre le contraste de certains organes plus important, mais tout ne peut être observé.



Figure 1.2 - Images Radiographiques ([Ouv16]).

Pour rappel, ce type d'imagerie se base sur les propriétés fondamentales des rayons X²⁷ (propagation en ligne droite, intensité inversement proportionnelle au carré de la distance parcourue, production d'un rayonnement secondaire²⁸ ou diffusé lors de leur interaction avec la matière, etc.) et plus particulièrement sur leur atténuation par les différents milieux biologiques traversés suivant une loi exponentielle tenant compte de leur longueur d'onde²⁹, de l'absorption photoélectrique³⁰ ainsi que de leur diffusion³¹ par effets Compton³² et Thomson³³. Soit I_0 l'intensité du flux incident de rayons X

²³ Il est important d'insister sur le fait que cette section n'explicitera pas en détail ces diverses techniques d'acquisition... Et c'est bien normal, vu que ce mémoire se veut parler plus particulièrement de la coregistration d'images médicales, et ne consiste pas en un état de l'art sur les modalités existantes. Toutefois, le lecteur néophyte intéressé peut en consulter une présentation assez complète réalisée par ACHARYA et son équipe (Cf. la publication "*Biomedical Imaging modalities : a tutorial*", de R. ACHARYA, R. WASSERMAN, J. STEVENS, et C. HINOJOSA, reprise dans "*Computerized Medical Imaging and Graphics*", vol. 19, n°1, p. 3-25, 1995).

²⁴ On parlera alors d'images radiographiques ou de radios.

²⁵ Panneaux illuminés adaptés à la lecture de films radiographiques.

²⁶ Les structures osseuses apparaissent en blanc sur les films radiographiques développés, alors que les structures aériques comme les poumons s'affichent en noir.

²⁷ Qui sont de la même famille physique que les rayons lumineux, mais qui se différencient de ces derniers par leur faculté à traverser de la matière beaucoup plus dense.

²⁸ Appelé aussi rayonnement de fluorescence.

²⁹ Les rayons de grande longueur d'onde sont peu pénétrants et sont appelés des rayons mous, par opposition à ceux de courte longueur d'onde qui le sont beaucoup plus, et surnommés parallèlement des rayons durs.

³⁰ Les rayons X sont plus ou moins absorbés par le corps humain en fonction du nombre atomique (A) de la matière traversée, de sa densité et de son épaisseur. Ainsi, l'absorption par l'air ou les chairs du corps humain se révèle assez faible, alors que celle par les os et a fortiori celle par les métaux sont plus importantes.

³¹ La diffusion est un phénomène qui gêne la formation de l'image, car le rayon directeur ou le rayonnement direct est dévié de sa trajectoire rectiligne.

³² L'effet Compton se traduit par une déflexion du photon incident et une longueur d'onde qui ne change pas.

³³ L'effet Thomson se caractérise, quant à lui, par une déviation de la trajectoire du photon faisant ainsi changer la longueur d'onde.

pénétrant suivant l'axe x , un milieu hétérogène de coefficient d'atténuation $\mu(x)$, et I l'intensité du flux émergent, alors nous disposons de la relation suivante : $I = I_0 \cdot e^{-\mu(x) \cdot x}$.

Comme nous l'avons déjà signalé, la **radiographie analogique** montre les **deux principaux inconvénients** suivants :

1. En premier lieu, le **contraste** fourni par les rayons X est **insuffisant**. En effet, ceux-ci ne parviennent en gros qu'à discriminer quatre contrastes naturels.
 - A. L'air n'arrête pas les rayons X et donne une clarté sur le film radiographique.
 - B. A l'opposé, le calcium atténue fortement les rayons X, et se traduit par des opacités plus ou moins denses sur le cliché.
 - C. L'ensemble des tissus mous, composés pour 70% d'eau, se traduit sur le cliché radiographique par des tonalités de gris très proches les unes des autres, variables en fonction de multiples paramètres physico-chimiques.
 - D. La graisse, largement répandue dans l'organisme, est un peu plus radiotransparente que les tissus mous (eau) et permet donc de silhouetter un certain nombre d'organes qu'elle enveloppe.
2. **L'image d'un volume comme le corps humain, projeté sur un plan** (le film), **ne rend pas compte de la troisième dimension**, et donc de la profondeur : des organes de la zone observée sont alors superposés, ce qui ne permet pas de localiser avec précision dans l'espace les structures imagées et rend parfois l'image fort confuse.

La solution proposée, le **principe tomographique** (ou **imagerie en coupes**), somme toute assez simple à comprendre, constitue la véritable révolution en imagerie. Elle consiste à **réaliser un ensemble d'acquisitions suivant plusieurs incidences régulièrement réparties autour de la zone du corps humain à examiner, afin de pouvoir calculer une cartographie des valeurs locales de l'atténuation des rayons X³⁴ et ainsi d'obtenir une kyrielle d'images en coupes de cette zone**. Ensuite, à partir de cette série de coupes, appelées également *tomogrammes*, et grâce à l'utilisation de l'informatique, une image en trois dimensions est finalement produite. La tomographie permet donc, tout comme les techniques analogiques, d'explorer la matière tout en préservant son intégrité³⁵. De plus, elle assure à la fois la localisation de l'information et le rehaussement du contraste entre des structures voisines.

Nous clôturons cette partie sur le *principe tomographique* en faisant remarquer que :

1. Premièrement, le "balayage" effectué pour l'obtention des coupes peut être linéaire ou se faire suivant un tracé géométrique plus complexe, comme un balayage spiralé ou hypocycloïde,
2. Et, deuxièmement, que toute l'imagerie moderne (échographie, scanographie, IRM, médecine nucléaire) a adopté le principe tomographique, et livre de la sorte exclusivement des images en coupes³⁶.

³⁴ Nous verrons ultérieurement que les calculs peuvent également porter sur d'autres valeurs locales comme celles d'activité d'émission de photons ou de positons.

³⁵ On dit qu'elles sont *non invasives*.

³⁶ Il subsiste une petite exception : les images radiographiques conventionnelles numérisées sont planaires.

1.3.2 L'imagerie numérique (ou digitalisée)

La numérisation ou digitalisation des images consiste grossièrement à se servir d'un ordinateur pour la production de celles-ci, dans le but de bénéficier d'images de **qualité la plus parfaite possible**, pouvant être étudiées et ensuite retouchées par traitement informatique. Après chaque "prise de cliché" par des capteurs spécifiques au type de modalité d'imagerie considérée et après transformation des informations transmises par ces mêmes capteurs, celles-ci sont restituées sous la forme d'une image qui est visualisée sur un écran d'ordinateur.

Comparée à l'imagerie analogique, l'imagerie digitalisée offre **quatre avantages décisifs** qui méritent d'être soulignés :

- La **pérennité de l'information** est **assurée**. Au contraire du support traditionnel³⁷, on dispose d'une meilleure qualité de conservation avec les images digitalisées : elles ne se perdent, ni détériorent avec le temps, vu qu'elles peuvent être mémorisées et archivées. Cela se réalise soit directement, soit après compression du fait de l'importance de la taille mémoire nécessaire. Comme les supports magnétiques classiques ne permettent de stocker qu'un nombre trop limité d'images, on fait de plus en plus appel à une technologie d'archivage sur disque optique numérique ou optomagnétique.
- Le **traitement a posteriori des images**. Les images digitalisées présentent un autre avantage prépondérant sur leurs consœurs analogiques du fait que l'information est disponible en mémoire. En effet, une fois que les données ont été saisies sur le malade, elles peuvent être retravaillées a posteriori pour générer un nombre illimité d'images : il est en effet possible de modifier le réglage de leurs différents paramètres (contraste, luminosité, etc.), de les agrandir électroniquement, de les zoomer ou annoter, ou encore d'évaluer sur elles des mesures de distance sans que la présence du malade soit à nouveau nécessaire. Le radiologue et le nucléariste peuvent ainsi, en jouant sur les paramètres, obtenir les conditions permettant d'optimiser certaines caractéristiques et ainsi de distinguer le plus nettement possible l'anomalie recherchée. Ceci constitue une différence considérable avec la radiologie conventionnelle où les paramètres des images sont fixés à l'exposition : dans ce cas, augmenter le contraste pour révéler une tumeur par exemple, nécessite un autre cliché et donc une autre exposition du malade.
- Les **images digitales sont communicables électroniquement par des réseaux... donc accessibles simultanément et sans dégradation**³⁸ **sur n'importe lequel de tous les terminaux appropriés du système informatique de l'hôpital**³⁹.
- Finalement, la **digitalisation repose sur une technologie ouverte en constants progrès**.

Pour toutes ces raisons, il semble évident qu'à **terme** nous arriverons à la **suppression pure et simple des films radiographiques**⁴⁰ et que par conséquent, **dans quelques années, toute l'imagerie médicale** de ce vingt-et-unième siècle sera **uniquement numérique**.

Nous proposons ci-dessous une description de la tomodensitométrie, la principale technique d'imagerie numérique utilisée actuellement. Il en existe quelques autres... mais nous vous renvoyons aux annexes pour plus de détails sur ces autres techniques.

³⁷ I.e. le support radiophotographique.

³⁸ Toute image numérique peut se voir clonée à qualité égale autant de fois qu'on le désire.

³⁹ Parfois, il arrive aussi que ces images soient accessibles pour des personnes extérieures à l'hôpital.

⁴⁰ Par définition, la radiologie classique produit des images analogiques sur film. Ces images doivent donc être numérisées avant d'être introduites dans les PCs ou dans les stations de traitement et d'archivage. Dans ce cas, l'opération de numérisation peut se réaliser en utilisant soit un système à base de négatoscope avec caméra vidéo, soit un scanner de film radiologique.

1.3.2.1 La Tomodensitométrie (ou le Scanner X)

Le scanner à rayons X, connu dans le monde scientifique sous l'acronyme (X)CT⁴¹, et dont les dénominations multiples sont scanner X, tomodensitomètre, ou encore scanographe, a révolutionné depuis les années septante le diagnostic médical au même titre que l'échographie et constitue indéniablement un développement, une amélioration de la radiographie conventionnelle. Effectivement, une fois que les rayons X sont détectés de manière électronique et mesurés, ils sont "envoyés" à un système informatique qui convertit les données et restitue l'image sur un écran vidéo. Le résultat donne alors des coupes du corps humain extrêmement fidèles, distantes les unes des autres d'une poignée de millimètres. Cette image peut ensuite être manipulée... et le diagnostic médical être ainsi établi avec beaucoup plus de précision.



Figure 1.3 - Un scanner X englobe deux parties : une console de commande dans une salle dépendante et donc invisible pour le patient, permettant au médecin technicien de programmer les conditions d'enregistrement et de travailler les images obtenues (augmenter le contraste, faire des agrandissements)... ainsi qu'un gros rectangle comportant un trou en son centre, à l'intérieur duquel une table mobile fait passer le corps du patient et sur la périphérie duquel tourne solidement autour de ce corps un couple émetteur-récepteur de rayons X composé d'un tube à rayons X et d'un ou plusieurs détecteurs solidaires, afin d'obtenir des informations sous différents angles. ([Web 2]).

Cet instrument, l'un des plus utilisés pour l'imagerie médicale 3D, est l'aboutissement de nombreuses recherches courant de la fin des années 1960 à 1975, date de sa première commercialisation. L'idée initiale provient de deux neurologues américains très réputés à l'époque, le Dr OLDENDORF et le Dr CORMAK, qui, dans les années 1961-63, ont proposé pour la première fois une théorie de la reconstitution de l'image par un ordinateur à l'aide de signaux recueillis par des détecteurs à cristaux sensibles. Les deux médecins sont quasiment arrivés à la solution mais n'ont malheureusement pas abouti faute du soutien industriel nécessaire. Ce n'est que quelques temps plus tard à partir d'une association fort fructueuse, entamée tout à fait par hasard lors d'un repas, entre AMBROSE, un neuroradiologue reconnu, et HOUNSFIELD, un ingénieur physicien de la firme E.M.I., qu'est né le premier prototype industriel en 1971 et qu'a débuté la scanographie.

Principe de fonctionnement du scanner X

Tout comme la radiographie conventionnelle, la tomodensitométrie fonctionne également sur base de l'atténuation des rayons X par les éléments biologiques traversés, selon la même loi exponentielle⁴². La **différence essentielle** s'avère en fait que **l'information se retrouve désormais en trois dimensions... sous la forme de coupes successives**⁴³. Ce qui permet de **pallier l'inconvénient de superposition** explicité plus haut.

Le **principe du scanner** est assez simple à comprendre. Il utilise la propriété des rayons X d'être absorbés de façon différente suivant ce qu'ils traversent pour mesurer des densités dans une tranche⁴⁴ du corps humain. Le patient étudié doit se positionner sur une table se déplaçant dans le sens longitudinal à l'intérieur d'un court anneau; celui-ci est en fait un couple émetteur-détecteur de rayons X tournant solidement autour de lui. Ce couple contient un tube à rayons X générant un faisceau

⁴¹ Qui est l'abréviation de l'expression anglaise (X-Ray) computerized Tomography.

⁴² Cf. le paragraphe précédent sur l'imagerie classique.

⁴³ Ces coupes apparaissent sous forme de tranches. C'est d'ailleurs de là que provient le mot *scanner* : le verbe anglais "to scan" signifie *découper en rondelles*.

⁴⁴ On parle de *coupe axiale* ou *transvers(al)e*. Pour se faire une idée, une telle coupe du corps d'un patient est horizontale... quand on le voit debout.

d'une épaisseur de 1 à 10 mm qui va évoluer autour du patient. En face de ce tube sont disposées plusieurs rangées de détecteurs mesurant, au fur et à mesure qu'il tourne, l'intensité résiduelle du faisceau de photons X émis qui est passé à travers le corps du patient⁴⁵.

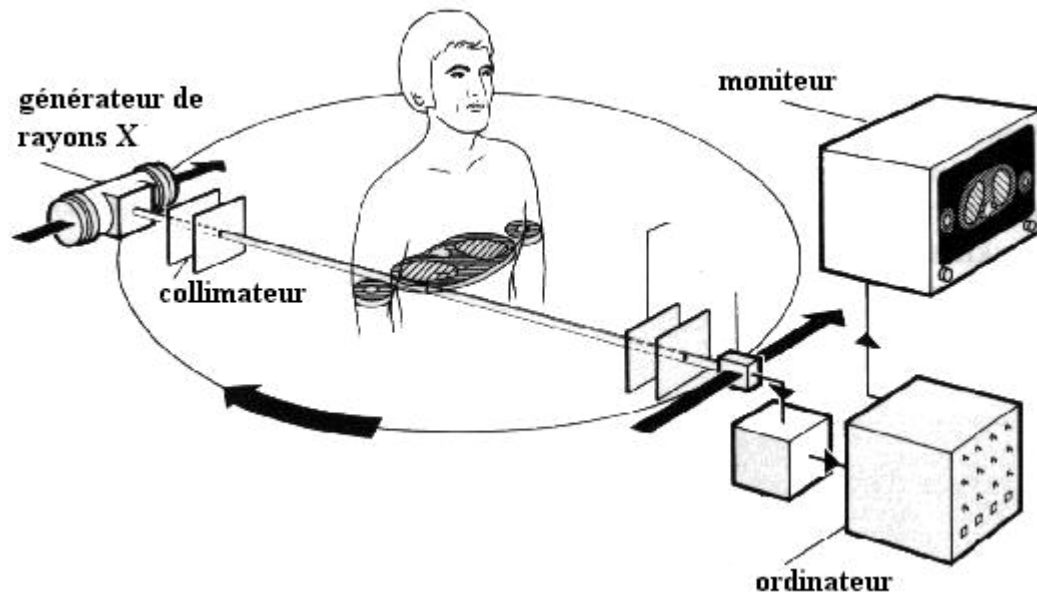


Figure 1.4 - Représentation schématique d'un scanner X de la dernière génération ([Web 3]).

On commence par choisir un plan de coupe transversal et la machine effectue de multiples projections sous différents angles afin de connaître le coefficient d'atténuation en chaque point de ce plan. Ainsi, à l'instant t , correspondant à une incidence angulaire θ , les récepteurs recueillent un "profil d'intensité" $P(t, \theta) = \log\left(\frac{I_\theta}{I_r}\right)$ où I_θ est l'intensité incidente et I_r la valeur d'intensité déterminée à partir de tous les rayons parvenant aux détecteurs. L'angle θ change⁴⁶, un nouveau profil est acquis et enregistré... et ainsi de suite, de degré en degré, en pivotant autour du sujet examiné. Cette opération est en réalité répétée sur 180 degrés, et la connaissance des profils d'intensité suivant les différents angles permet de calculer la valeur de l'intensité en chaque point du plan.

La rotation terminée, i.e. une fois que cela est fini pour le plan en question, on anime le couple émetteur-détecteur d'un mécanisme de translation et on recommence une série de mesures. De la sorte, le couple décrit un mouvement général en forme de spirale ou plus exactement, en forme hélicoïdale.

A chaque tour, pour chaque coupe, les détecteurs⁴⁷ vont donc enregistrer beaucoup d'informations et les stocker dans un puissant ordinateur⁴⁸. Par après, ce dernier traite ces informations et reconstitue une image numérique en tranches de la zone du corps inspectée en donnant à chaque voxel un niveau de gris⁴⁹. Un volume hélicoïdal d'images est alors généré et est ultérieurement reconstruit grâce à des techniques mathématiques complexes, en une image volumique interprétable. C'est ce qu'on appelle communément la *reconstruction de l'image*. Par la suite, cette "image volumique" peut se visualiser sur un récepteur vidéo sous la forme de coupes dans trois plans

⁴⁵ Cette différence est liée au coefficient d'absorption de rayons X par les divers milieux traversés, qui dépend directement de la densité des milieux considérés ainsi que de l'énergie du faisceau de rayons les traversant. Ainsi, l'absorption de l'air est nulle et celle des os maximale. On exprime ces différences en unité HOUNSFIELD (UH): l'air est de la sorte à -1000 UH, l'os à +1000 UH et les tissus à +30-60 UH. L'eau est à 0-10 UH et la graisse à -30 UH.

⁴⁶ On fait tourner le système de quelques degrés.

⁴⁷ Pour les gens curieux, on utilise généralement comme détecteurs, soit une chaîne de détection à cristaux scintillateurs associés à des photomultiplicateurs, soit des chambres d'ionisation... qui permettent de distinguer des différences de densité inférieure à 1% (En comparaison, pour la radiologie conventionnelle, c'est de l'ordre de 5 à 10%).

⁴⁸ "Puissant" signifie ici qu'il dispose d'une grande capacité de calculs.

⁴⁹ Chaque voxel est un petit parallélépipède de quelques dixièmes de millimètre contenant une information de densité sur un point de la coupe. Cette densité est traduite en niveaux de gris, ce qui permet de distinguer les différents organes en formant une image visualisable relativement précise comparable à celle d'une photo imprimée.

orthogonaux, être stockée ou encore retravaillée informatiquement pour l'améliorer.

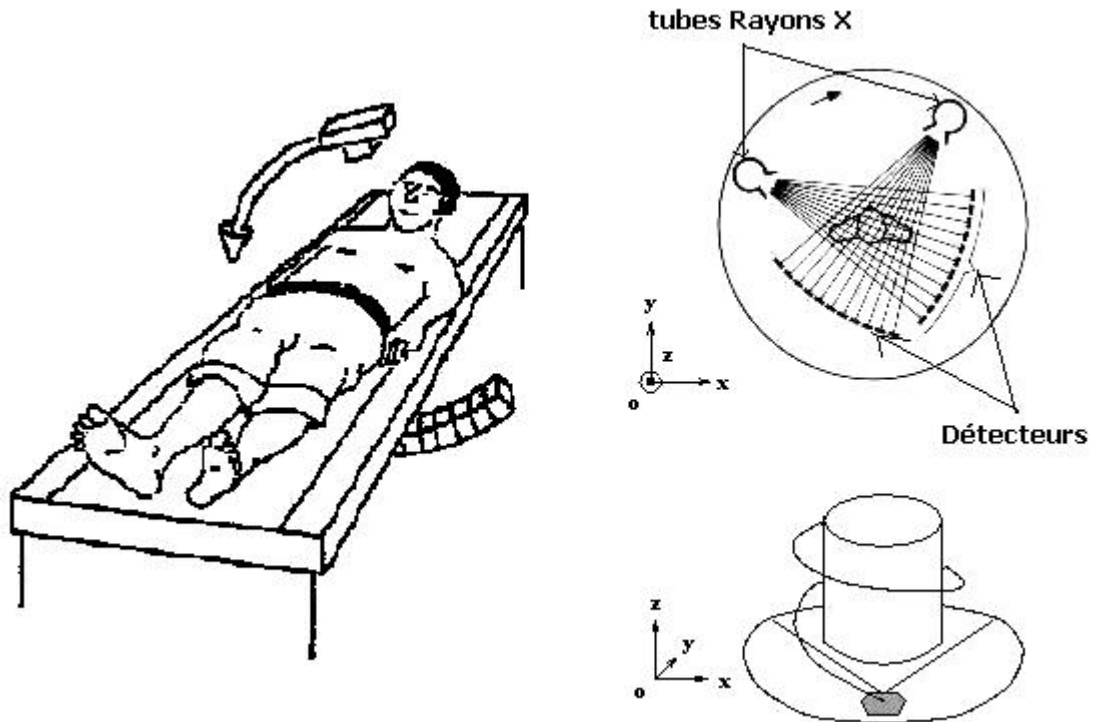


Figure 1.5 - Acquisition d'images tomographiques : utilisation d'un Scanner CT hélicoïdal dans lequel les détecteurs mesurent simultanément plusieurs lignes de réponse ([Ouv 1] et [Ouv16]).

Par conséquent, on peut conclure que le **principe de fonctionnement comprend deux étapes successives : une analyse multiangulaire et une reconstruction mathématique de l'image**. De même, il permet la **représentation de la troisième dimension de l'objet** : en effet, comme nous disposons d'un ordinateur puissant, il lui est aisé, **en partant d'une pile de coupes axiales/transversales, d'établir les coupes coronales et sagittales qui lui sont orthogonales**. On obtient donc bien un système permettant l'analyse en trois dimensions.

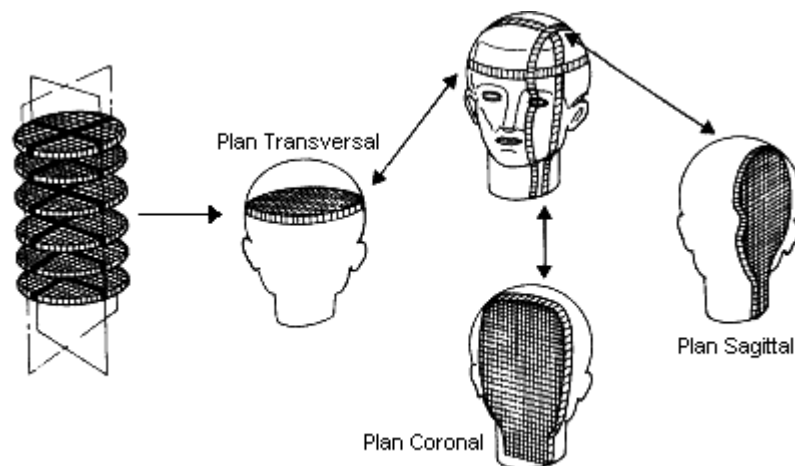


Figure 1.6 - Représentation schématique des trois différentes sortes de coupe en tomographie : Les médecins radiologues et nucléaristes donnent aux coupes dans les 3 plans frontal, vertical, et transversal respectivement les noms de coupes coronales, sagittales, et axiales. Les coupes axiales sont perpendiculaires à l'axe du corps (ou parallèles au sol quand nous sommes debout), alors que les sagittales sont dans cet axe (ou nous couperaient en deux en passant par le sternum) et les coronales parallèles au front du patient (ou à son corps quand il est couché) ([Web10]).

Caractéristiques et applications médicales

Bien que le champ d'application du scanner se soit longtemps confiné aux examens cranio-cérébraux et que son exploitation se soit essentiellement réduite à l'étude des affections cérébrales, il s'est copieusement élargi depuis : la tomodensitométrie autorise désormais une étude de la tête aux pieds plus ou moins satisfaisante de tous les organes du corps humain et permet de réaliser un bilan le plus détaillé possible. Parce qu'elle peut montrer différents types de tissus humains comme les os, les tissus mous et les vaisseaux sanguins, elle se révèle particulièrement utile pour les traumatismes⁵⁰, pour les pathologies cardiovasculaires, infectieuses et ostéo-articulaires, pour l'exploration de zones complexes comme l'abdomen (foie, vessie, reins, médiastin, prostate, etc.) et le thorax⁵¹ (poumons, œsophage, etc.), ou encore pour le diagnostic de tumeurs cancéreuses.

Les images générées par un scanner X sont de **haute résolution spatiale** avec une précision d'un millimètre dans toutes les directions de l'espace. Cette haute résolution permet une identification claire des objets présents sur les images ainsi qu'une bonne visualisation des volumes. Finalement, on peut affirmer que la technique du scanner reste un examen moyennement coûteux, contre-indiqué chez les femmes enceintes, à caractère non invasif impliquant une irradiation minimale⁵², dont les indications et les résultats médicaux demeurent très vastes, mais qui est de plus en plus concurrencé par l'I.R.M..

Variante du CT : l'angiographie numérisée

Tout comme la tomodensitométrie, l'angiographie numérisée⁵³ est une technique modérément coûteuse fonctionnant grâce aux rayons X. Elle engendre des images planaires, et consiste à étudier et visualiser les vaisseaux artériels⁵⁴ (artériographie) ou veineux⁵⁵ (phlébographie) en les opacifiant⁵⁶ par un "colorant radiologique", produit de contraste iodé radio-opaque, que l'on injecte au moyen d'un cathéter.



Figure 1.7 - Une salle d'angiographie comporte une table mobile sur laquelle le patient s'allonge. Cette table mobile sera déplacée sous un bras articulé, en forme de grand C, constitué d'un tube à rayons X d'un côté (sous la table) et d'une caméra de l'autre (au-dessus du patient), et pouvant être manipulé pour obtenir des vues différentes du même vaisseau. Durant l'injection du produit iodé, des rayons X sont produits sous la table d'examen et traversent le corps du patient. Le produit de contraste, opaque aux rayons X, et la caméra vont montrer en temps réel les artères inoculées sur un écran ([Web 2]).

Dans un premier temps, on réalise un cliché sans produits de contraste. On obtient alors une image des structures vasculaires, mais aussi osseuses et parenchymateuses. Par la suite, on introduit de manière aseptique et sous anesthésie locale un cathéter dans le vaisseau que l'on souhaite explorer. Sa "montée" dans le vaisseau considéré se fait sous contrôle télévisé dans une salle de radiologie. Une fois que le cathéter a atteint la zone à étudier, on effectue l'injection du produit de contraste⁵⁷, et on patiente quelques temps. On réalise alors un second cliché qui, par l'activité radioactive du produit, révélera distinctement les structures artérielles ou veineuses examinées⁵⁸. Le patient doit

⁵⁰ Bilan pré-opératoire de fractures complexes avec vue en 3 dimensions.

⁵¹ On verra plus tard dans ce chapitre que cette région n'est pas vraiment exploitable par l'échographie en raison de la présence d'air dans les poumons.

⁵² Une variante utilisera parfois un produit de contraste iodé injecté dans une veine pour mieux distinguer les différentes structures du corps. On parlera dans ce cas d'angiographie (Voir le paragraphe suivant).

⁵³ En anglais, *Digital Subtraction Angiography* (ou DSA).

⁵⁴ Pour rappel, les artères sont les vaisseaux qui apportent le sang oxygéné aux organes du corps.

⁵⁵ Au contraire des artères, les veines ramènent le sang des organes au cœur.

⁵⁶ En effet, les vaisseaux en question ne sont pas spontanément visibles.

⁵⁷ Ce qui peut entraîner une sensation de chaleur momentanée disparaissant très rapidement.

⁵⁸ Parfois, l'injection est réalisée par voie intraveineuse au bras. Cette méthode possède néanmoins une résolution anatomique inférieure à la méthode invasive.

impérativement maintenir une bonne apnée (comme pour tout examen radiologique) lors de la prise des clichés⁵⁹. Les appareils d'angiographie actuels bénéficient, par leur couplage avec un ordinateur, des performances de la numérisation⁶⁰ afin de produire de meilleures images : ainsi, la soustraction de la première image numérisée à la seconde permet l'obtention d'une image claire des structures étudiées⁶¹.

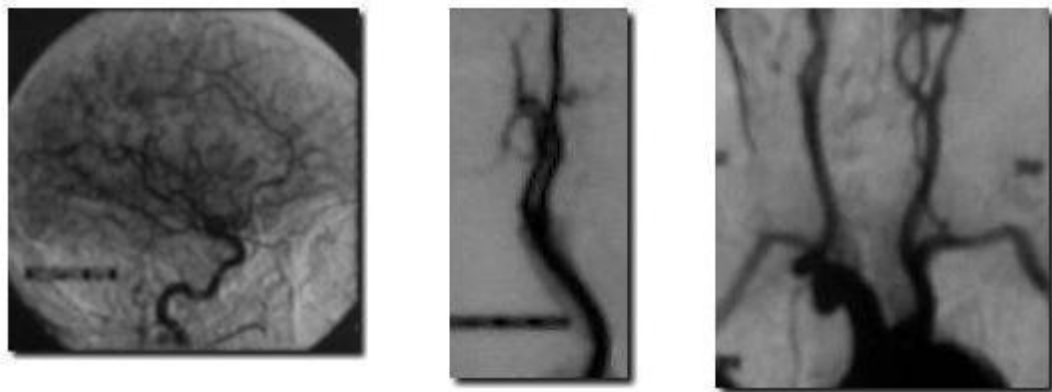


Figure 1.8 - Angiographie : Images respectives d'artères cérébrales, carotide, et du cou ([Web 2]).

Il faut remarquer que l'on peut subdiviser l'angiographie numérisée en deux fractions, d'après la mission avouée de l'examen angiographique : d'une part, nous avons l'angiographie diagnostique, et d'autre part, l'angiographie interventionnelle. La première permet la visualisation de vaisseaux⁶² (sténose⁶³, thrombose⁶⁴, dilatation, irrégularité) et de tumeurs hypervascularisées⁶⁵, mais tend à être supplantée par des examens non invasifs tout aussi performants et strictement indolores tels que l'écho-doppler, le scanner spiralé en mode hélicoïdal et surtout l'IRM⁶⁶. La seconde, moins "passive", traduit le fait qu'il est actuellement possible de réaliser de petites interventions chirurgicales par le biais des sondes (cathéters) introduites dans les vaisseaux, et garde par contre tout son intérêt. Ses applications ne cesseront probablement de se développer. Elle permet notamment :

1. la dilatation d'artères rétrécies afin de rétablir une circulation sanguine satisfaisante au moyen de ballonnets particuliers⁶⁷. Cette dilatation est d'ailleurs souvent complétée par la pose d'une prothèse (*stent*) afin d'éviter une sténose ultérieure du vaisseau dilaté⁶⁸;
2. la dissolution de caillots artériels obstructifs en plaçant dans le vaisseau bouché⁶⁹ une sonde au contact, afin de rétablir la continuité du flux sanguin;
3. l'injection de produits spéciaux afin de boucher les vaisseaux d'une tumeur pour qu'elle se rétracte et meure: c'est le principe de l'*embolisation*;
4. ou encore l'arrêt par embolisation d'une grave hémorragie interne⁷⁰ à l'aide de matériaux résorbables (*spongel*) ou définitifs (colle biologique).

Donc, en résumé, l'angiographie est un examen invasif, comportant des risques et qui n'est réalisé qu'en dernier recours. Une de ses applications les plus courantes est l'exploration des artères ou des veines des membres inférieurs en raison de douleurs dans les jambes lors de la marche. Ce qui se

⁵⁹ De l'ordre d'une dizaine de secondes.

⁶⁰ C'est d'ailleurs pour cela que l'on parle d'angiographie numérisée.

⁶¹ C'est le principe de la soustraction digitale.

⁶² Ainsi que l'évaluation précise de leur diamètre.

⁶³ Mot du langage médical qui veut dire *rétrécissement*. Ces sténoses sont généralement dues à la présence de plaques d'artéroscléroses.

⁶⁴ Terme médical synonyme d'*obstruction*.

⁶⁵ C-à-d riches en vaisseaux anormaux.

⁶⁶ Visualisation directe et non agressive des vaisseaux intra-crâniens par exemple.

⁶⁷ On parle dans ce cas d'*angioplastie transluminale*.

⁶⁸ Les rétrécissements des artères rénales, responsables d'une hypertension artérielle, sont fréquemment traités de cette façon.

⁶⁹ On appelle cela une *fibrinolyse*.

⁷⁰ Exemple courant : l'embolisation d'artères utérines en cas d'hémorragie de la délivrance.

termine parfois par une intervention pour désobstruer une artère bouchée ou pour en occlure une qui saigne en cas d'hémorragie.

Evolutions technologiques

Après 1975, les systèmes tomodensitométriques ont beaucoup évolué depuis le premier prototype constitué uniquement d'un tube à rayons X et d'un détecteur entre lesquels était placé le patient... et cela, dans un souci de réduction des temps d'acquisition et d'amélioration de la qualité des images. Plusieurs générations techniques de scanner se sont succédées.

Ainsi, **ceux de dernière génération**⁷¹, dits **hélicoïdaux à rotation continue**, font des **acquisitions non plus coupe par coupe, mais par volume**. En effet, jusqu'au début des années 1990, les scanners se réalisaient coupe par coupe avec un avancement séquentiel du lit d'examen. Désormais, la majorité des scanners modernes travaillent en mode hélicoïdal (ou spiral) et effectuent un examen beaucoup plus rapidement. Dans ce mode, le lit d'examen se déplace en continu pendant plusieurs secondes et le couple tube-détecteurs tourne simultanément sans interruption autour du patient : de la sorte, on obtient de très nombreuses coupes dans des délais raccourcis⁷².

La quantité très importante de données recueillies requiert un puissant multiprocesseur assurant simultanément les tâches d'acquisition, de reconstruction et de visualisation. Ainsi, toutes ces données doivent être soumises à des opérations de calcul supplémentaires (interpolations) pour reconstruire sur un emplacement déterminé du corps des coupes axiales à 360 degrés qui présentent entre elles un certain degré de chevauchement des images. Cette technique permet d'obtenir des images beaucoup plus précises du corps humain dans tous les plans de l'espace (vues multiplanaires et tridimensionnelles) et qui ne sont plus influencées par la respiration, ainsi qu'une réduction des doses de produits de contraste iodés injectées.

1.4 Types d'images médicales

La section précédente ainsi qu'une partie des annexes ont décrit les diverses modalités d'acquisition usées de nos jours en imagerie médicale. Nous avons constaté qu'elles présentent chacune leurs défauts, et aussi qu'elles se basent sur un certain nombre de genres différents d'informations pour construire les images. D'aucunes utilisent le champ électrique, d'autres l'émission de photons ou de positons; d'autres encore, une carte d'imprégnation de rayons X. Cette multitude d'informations permet classiquement d'**observer soit l'anatomie du patient, soit certaines fonctions métaboliques ou biologiques**. Ainsi, deux grandes catégories d'images médicales se dégagent en fonction du type d'information apportée : les ***images anatomiques*** reprenant les images récoltées via un scanner ou encore une résonance magnétique et les ***images fonctionnelles*** comme celles obtenues par scintigraphie.

1.4.1 les images anatomiques

Les images anatomiques ou morphologiques font ressortir les structures anatomiques des différentes parties du corps humain. Elles favorisent l'analyse du volume ainsi que de la taille des objets, et permettent de percevoir la structure des tissus organiques. Elles se révèlent fort voisines de ce que le chirurgien voit durant une intervention et par conséquent, il les utilise pour prévoir et organiser une procédure opératoire. **Les techniques produisant ce type d'images que nous rencontrons au quotidien sont proches de la radiologie conventionnelle et incluent principalement le scanner et la résonance magnétique.** Les images qui en résultent se caractérisent par **une relativement bonne résolution**. De plus, l'espace de couleurs⁷³ utilisé pour leur visualisation est très souvent d'un des types les plus couramment rencontrés comme le "*Gray-Scale*".

⁷¹ De la cinquième en fait.

⁷² Toute la région d'intérêt est scannée en moins de trente secondes au cours d'une seule apnée.

⁷³ Nous ferons un petit aparté sur les espaces de couleurs au chapitre suivant et dans les annexes.

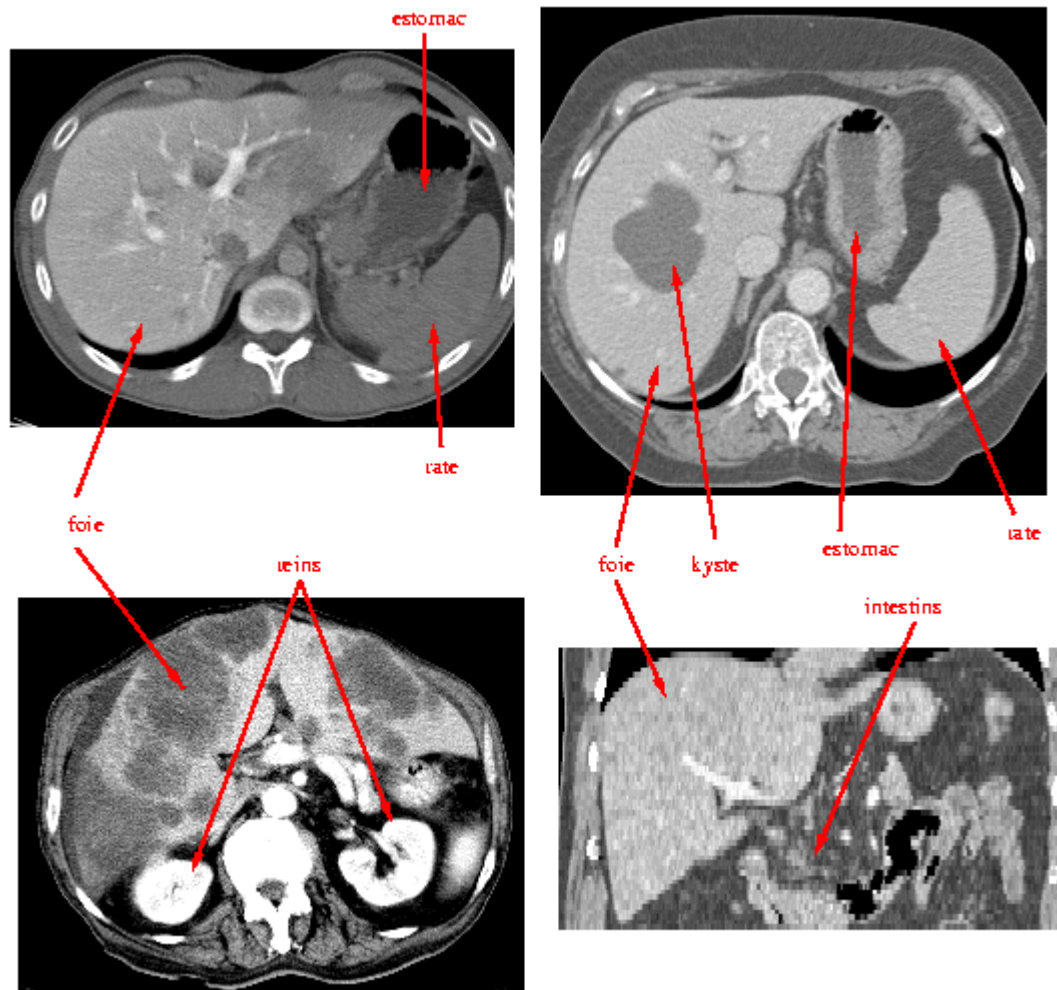


Figure 1.9 - Trois coupes transversales de scanners abdominaux et une coupe coronale de scanner thoracique mettant en évidence des structures anatomiques plus que reconnaissables ([Ouv16]).

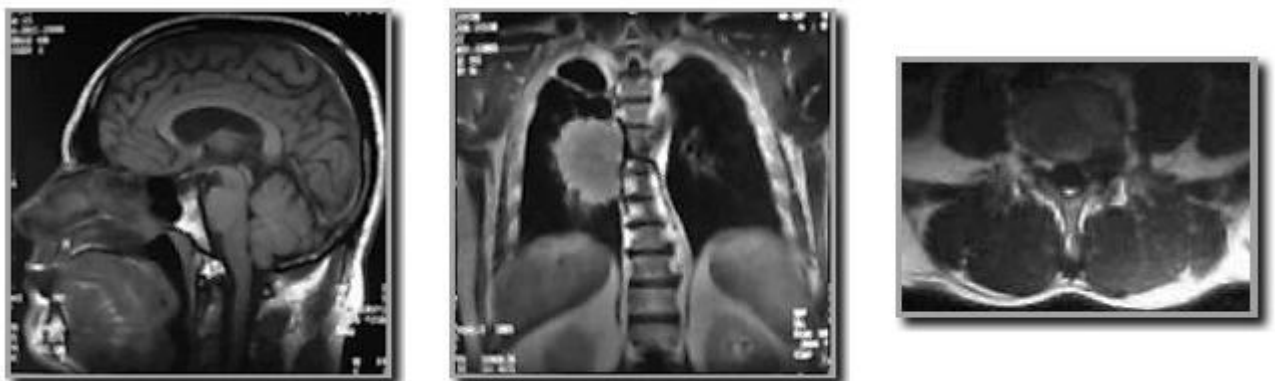


Figure 1.10 – Divers exemples d'images morphologiques IRM : Coupes sagittale de la tête, coronale thoracique (cancer du poulmon), et transversale lombaire (hernie discale) ([Web 2]).

Malheureusement, ces images ne peuvent généralement **pas ou très peu faire ressortir des aspects fonctionnels** tels que l'activité métabolique des tissus, le parcours du sang ou la perfusion des muscles. Les organes simples ou les anomalies, comme les tumeurs, apparaissent parfois clairement grâce à la discontinuité de l'intensité du signal aux jonctions entre tissus de différents types. Si le contraste est insuffisant, on peut avoir recours à l'injection de produits de contraste comme l'iode (pour le scanner) mais ordinairement, il faut plutôt recourir à des techniques annexes et complémentaires pour recueillir ce genre d'information.

1.4.2 Les images fonctionnelles

L'imagerie fonctionnelle met en évidence sans pour autant troubler l'organisme du patient les régions de haute activité métabolique ou de synthèse de protéines, et éclaire ainsi les médecins sur certains mécanismes fonctionnels importants ou même vitaux. Elle correspond essentiellement aux **techniques spécifiques à la médecine nucléaire** nécessitant l'injection au patient d'un traceur radioactif satisfaisant les conditions suivantes. Premièrement, il doit être lié à la substance impliquée dans le processus biologique que l'on veut étudier. Deuxièmement, sa masse doit être faible par rapport au composé naturel afin de ne pas perturber la cinétique du processus.

Les **isotopes radioactifs** utilisés doivent avoir une demi-vie assez longue pour que l'on puisse les incorporer dans la molécule traceuse et les administrer au patient, mais assez courte pour permettre leur utilisation à des doses raisonnables pour ce même patient et pour son environnement. En outre, leur durée de vie se doit aussi d'être du même ordre de grandeur que les constantes de temps du processus biologique étudié. La décroissance de ces isotopes doit fournir des photons d'énergie assez élevée pour pouvoir sortir du corps, mais pas trop afin de permettre leur détection.

Une fois l'injection réalisée, on laisse le temps au patient d'assimiler le traceur⁷⁴ et à l'appareil d'acquisition de travailler. De la sorte, les images acquises comportent des taches dont l'intensité varie en fonction de la concentration du traceur. C'est là qu'il faut faire preuve de subtilité et de savoir-faire car la visualisation d'images fonctionnelles réclame d'opter avec minutie pour la palette de couleurs utilisée. En effet, ces palettes sont extrêmement spécifiques. Elles s'apparentent à une espèce d'arc-en-ciel, retouché de telle manière qu'il mette en évidence les zones de fixation du traceur. Ainsi, le choix d'un mauvais type de palette de couleurs ne permet pas une distinction aussi efficace de ces zones.

Il y a encore peu de temps, on utilisait surtout la scintigraphie pour effectuer ces examens fonctionnels mais désormais ce n'est plus exclusivement le cas. La raison en est simple : l'inconvénient de la TEP est qu'elle utilise un traceur radioactif pour déceler l'activité cognitive. Par mesure de précaution, les sujets ne peuvent subir qu'un seul examen scintigraphique dans un temps donné même si la quantité de radiations produite par le radio-isotope est infime. L'IRMf peut en revanche être pratiquée plusieurs fois.

Dans l'IRMf, le marqueur le plus souvent utilisé est l'oxygénation sanguine, phénomène naturel de l'organisme. Le niveau d'oxygénation du sang est déterminé par l'offre et la demande (rapidité du débit sanguin et rapidité de son extraction par les tissus). Après que l'hémoglobine ait libéré son oxygène dans les cellules participant à l'exécution de certaines tâches, il reste dans les globules rouges de la désoxyhémoglobine, qui est dotée de propriétés paramagnétiques. Cette désoxyhémoglobine modifie le signal dans les veines et à proximité de celles-ci. Le sang désoxygéné fait donc office d'agent de contraste intravasculaire que les chercheurs peuvent repérer et utiliser pour mesurer une activité cérébrale spécifique.

Notons que, **contrairement au cas des images anatomiques, les images fonctionnelles sont la plupart du temps de faible résolution.** En outre, la localisation anatomique de certains objets semble très malaisée. Le médecin a beaucoup de problèmes à accomplir une concordance mentale entre les zones fonctionnelles et les zones morphologiques car il n'est pas du tout évident de réaliser la correspondance anatomique d'une tache présente sur une image fonctionnelle. En conséquence, l'imagerie fonctionnelle perd là une grande partie de son intérêt.

En conclusion, bien souvent, **une unique technique d'imagerie médicale ne s'avère pas suffisante pour établir un diagnostic... et l'apport d'autres techniques d'imagerie pour compléter, confirmer ou infirmer l'information qu'elle produit se révèle plus que nécessaire.** Le médecin se retrouve donc devant une **masse d'images possédant chacune une information propre** qu'il aimerait exploiter. Cet état de fait nous amène à penser qu'il souhaiterait les combiner afin d'avoir

⁷⁴ C'est très fluctuant : cela peut varier de quelques minutes à une journée.

une perception la plus globale possible. C'est justement à cela que s'attache la **coregistration**.

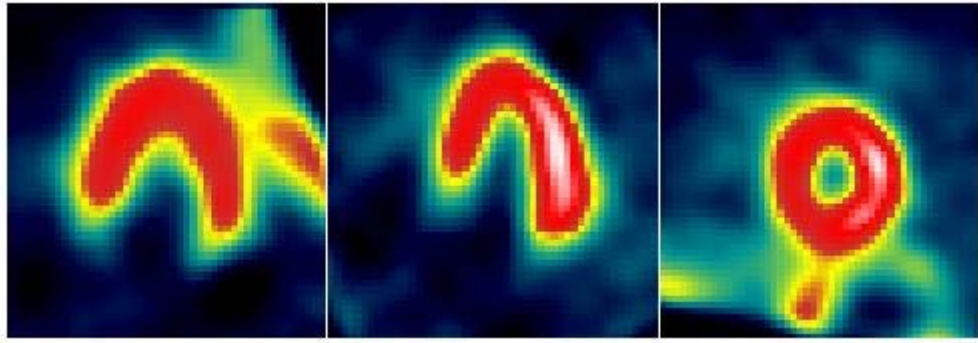


Figure 1.11 - Image TEMP de la perfusion myocardique du ventricule gauche ([Ouv16]).

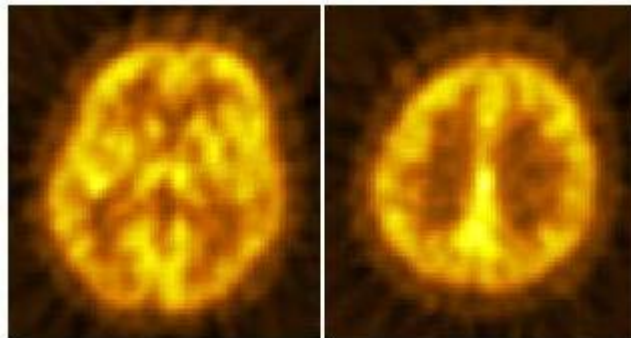


Figure 1.12 - Image de tomographie par émission de positons de l'activité cérébrale ([Ouv16]).

Chapitre 2

Succession des différentes manipulations appliquées aux images médicales, de leur acquisition à leur interprétation

Nous avons parlé dans le chapitre précédent¹ des différents "types" d'images médicales mais nous n'avons pas encore défini avec précision ce que signifie ou sous-tend en tant que tel l'expression "image digitale". Nous allons immédiatement remédier à cela dans la section suivante. Ensuite, nous ferons une description concise mais toutefois éloquente de l'ensemble des manipulations consécutives² que l'on exerce généralement sur des images médicales afin de les rendre à terme interprétables et d'un grand intérêt pour tout médecin.

2.1 Notion d'image digitale

Il règne **beaucoup d'ambiguïté** autour du terme *image*³. Certains auteurs restreignent son utilisation à des tableaux à deux dimensions de valeurs scalaires appelés *pixels* (*picture elements*). Autrement dit, **ils lui associent une fonction I à deux arguments**, appelée **fonction d'intensité lumineuse**⁴, **qui à x et y , les coordonnées spatiales d'un point quelconque de l'image, lui fait correspondre $I(x, y)$** ⁵, **la valeur de I en un point (x, y) proportionnelle à la luminosité de l'image en ce point**⁶.

On peut néanmoins qualifier une telle **formalisation** de **réductrice**. Dans ce mémoire et dans le monde médical en général, le terme *image* est usité non seulement pour décrire cette sorte d'image, mais il inclut aussi des **tableaux multidimensionnels de valeurs soit scalaires soit vectorielles**. En effet, les images médicales sont soit **bidimensionnelles** (les deux dimensions spatiales), soit **tridimensionnelles** (trois dimensions spatiales ou deux spatiales plus le temps), soit **quadridimensionnelles** (les trois spatiales et une temporelle)⁷. Cette définition reste cependant ambiguë car une tranche 2D de valeurs scalaires extraite d'une image vectorielle 3D est aussi une image. De même, une image 2D peut être une coupe tomographique, ou une projection.

La plupart des images dont on a déjà conversé dans ce travail ont trois dimensions spatiales. Ces images 3D sont formées d'une série de fines coupes d'images 2D. On dénomme alors par **voxel**, le **volume élémentaire correspondant dans la coupe au pixel de l'image 2D**. Habituellement, ces voxels ne sont **pas cubiques** et ont plutôt la **forme d'un parallélépipède**⁸ car leurs dimensions dans une coupe (le plan xy) sont presque toujours plus petites que celle dans la direction z . C'est typiquement une conséquence de la technique d'acquisition employée.

Puisque des images volumiques sont montrées normalement comme une série de coupes d'images 2D, le **contraste apparent peut être amélioré sans dégrader la résolution des coupes en les rendant plus minces**. L'épaisseur des coupes ne représente cependant pas la même chose que la dimension z des voxels de l'image. Elle est liée au profil de sensibilité de l'appareil d'imagerie dans

¹ Et dans l'annexe 2.

² Ou presque.

³ Vu tout ce qui a été dit au chapitre précédent, on considère logiquement que nos images médicales sont digitales... et pas analogiques !

⁴ On dit aussi *luminance*.

⁵ Vu qu'une image digitale résulte directement de mesures physiques et que toute mesure implique inévitablement une limitation de précision, ces deux arguments de position ainsi que la valeur d'intensité lumineuse sont DISCRÉTISÉES !

⁶ Etant discrétisée, chacune de ses valeurs est représentée par un niveau de gris... ou une couleur.

⁷ Voir parfois plus.

⁸ On parle dans ce cas d'*anisotropie* de l'image volumique.

cette direction et il existe souvent un **trou** supplémentaire **entre la fin nominale d'une tranche et le début de la prochaine**. La dimension z des voxels est ainsi la somme de l'épaisseur d'une coupe et de celle de ce trou. On appelle d'ailleurs cette somme "*slice spacing*" et on la définit comme la distance entre le milieu d'une coupe et celui de la suivante.

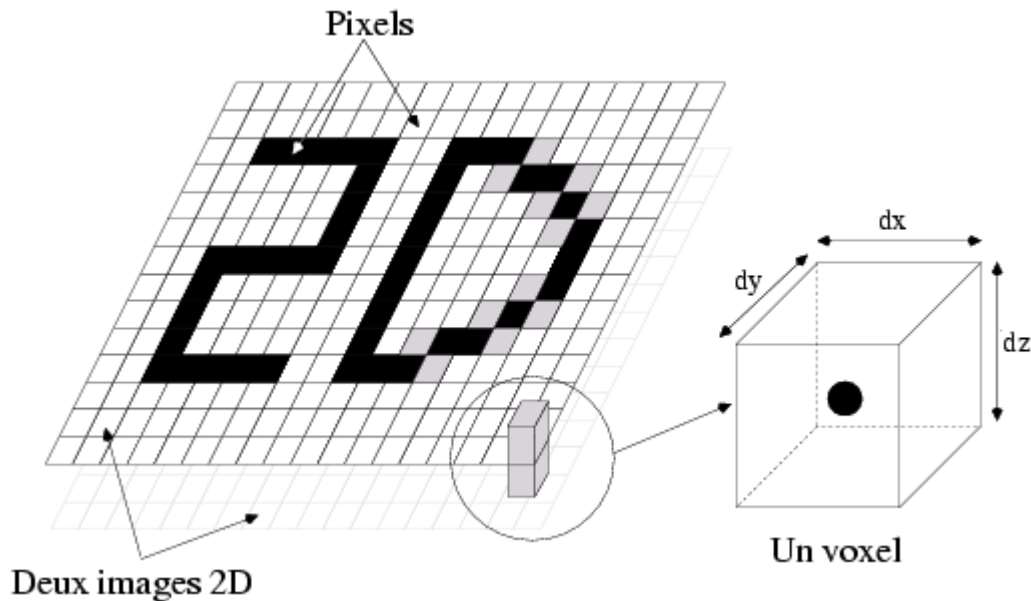


Figure 2.1 - Définition des pixels et des voxels. Le contenu d'un pixel/voxel est un nombre réel discrétisé (et souvent arrondi à une valeur entière) en relation avec la dynamique de l'imageur. Les dimensions dx , dy et dz du voxel semblent ici identiques : nous sommes donc dans le cas d'images isotropiques ([Ouv24]).

2.1.1 Résolution d'une image⁹

Une **image** est dite *significative* lorsqu'elle induit une action, une décision ou une mémorisation. De même, une image *significative rationnelle* est construite uniquement pour transférer au cerveau une information précise. C'est pourquoi le principal critère de qualité d'une image est sa **résolution**. Cette dernière ne doit **pas être confondue avec le terme "définition"**, qui caractérise en fait le pouvoir séparateur ou l'absence de flou dans une image. Le mot "*résolution*" est en réalité plus riche et plus précis car il recouvre indissociablement les termes "*définition*", "*contraste*", et "*stigmatisation*"¹⁰. On comprend ainsi que, pour améliorer la résolution d'une image, il faut augmenter son contraste ou sa définition, ou mieux encore, ces deux paramètres.

La représentation d'un objet varie selon la taille des pixels (ou des voxels)¹¹ contenus dans l'image digitale. **La résolution de l'image (et donc de l'objet considéré) est d'autant meilleure que la taille des pixels est petite**. Cela donne alors un nombre élevé de pixels. Le problème est que ce grand nombre ralentit la lecture ainsi que l'affichage de l'image, et produit de la sorte de gros fichiers de données en mémoire. En conséquence, les capacités technologiques des ordinateurs nous poussent à trouver un **compromis entre résolution d'affichage et vitesse d'accès aux images**¹². Cela se traduit, par exemple pour une animation convenable, à choisir une résolution moins fine des images.

⁹ Ceci n'est qu'une "introduction" au concept de résolution d'images que nous approfondirons ultérieurement lorsque nous parlerons de la numérisation et du codage d'une image quelconque.

¹⁰ Le degré de stigmatisation marque la présence ou l'absence de distorsion.

¹¹ A partir de maintenant, excepté si nous les distinguons dans le texte, les remarques sur les pixels vaudront aussi pour les voxels !

¹² Remarquez qu'afin de réduire l'espace mémoire occupé par les fichiers d'images, on a de plus en plus recours à des algorithmes de compression de données. La compression peut se faire sans perte bien que la compression avec perte soit acceptable, pour autant qu'elle ne biaise pas l'information qualitative des images.

2.1.2 Couleurs et visualisation d'une image

Pour qu'au sein d'une image un objet soit reconnaissable, il faut que sa représentation offre un **contraste de couleurs**. La notion de couleurs se révèle ainsi *primordiale dans les représentations en trois dimensions* : un dégradé de couleurs donnera un relief à un objet. La signification des couleurs et leur interprétation sont donc primordiales pour certaines images, notamment pour celles dont on discute dans ce mémoire et où selon l'échelle des contrastes, on aperçoit différentes structures anatomiques ou fonctionnelles du corps.

La visualisation du contenu d'un pixel, et donc d'une image, se fait en utilisant **une échelle de "fausses couleurs"**. On dit aussi **espace de "pseudo-couleurs"**. Cette expression signifie simplement que les **couleurs visualisées ne correspondent pas vraiment à la réalité**, contrairement aux couleurs contemplées sur des photographies et obtenues directement à partir de l'impression sur un film sensible de rayonnements dont la longueur d'ondes fait partie du spectre de la lumière visible à l'œil humain. Elle désigne **en fait le procédé de colorisation utilisé consistant à attribuer arbitrairement des couleurs particulières aux valeurs d'intensité des pixels; ce qui permet de traduire leurs différences**. Ces échelles sont nombreuses : on peut citer la *Gray-Scale*¹³, la *RGB*¹⁴, la *HLS*¹⁵ ou encore la *CMYK*¹⁶.

En général, le matériel de visualisation permet 256 couleurs simultanées¹⁷ choisies dans une palette définie par l'utilisateur¹⁸. Chaque couleur ne correspond donc pas à une valeur unique de pixel mais à un ensemble de valeurs déterminé par le nombre de couleurs disponibles ainsi que par l'étendue des valeurs des pixels de l'image considérée. Si, de plus, on souhaite l'affichage synchrone d'images possédant des palettes de couleurs différentes, le nombre de couleurs constituant chacune de ces palettes se restreint encore. Heureusement, il a été confirmé expérimentalement que 64 couleurs suffisent amplement à l'œil humain pour détecter les contrastes dans une image et y distinguer des objets¹⁹.

2.1.3 Stockage d'une image dans un fichier²⁰

Nous avons vu qu'un fichier représentant une **image digitale** est constitué **essentiellement** d'un **tableau de pixels ou de voxels**. Mais ce n'est pas tout²¹ ! Il renferme **également** une **partie header administrative et technique** contenant des informations supplémentaires, non seulement attachées à l'image mais aussi à la manière de la lire, c-à-d reprenant entre autres les **données relatives à l'identification de la machine** (centre hospitalier où est effectué l'examen médical, numéro de la machine, date et type d'examen, etc.), **au patient** (identification, nom, prénom, date de naissance, sexe, poids, numéro de sécurité sociale, etc.), **au type d'acquisition** (type de modalité (CT, IRM, etc.), positionnement du patient dans l'espace, durée d'acquisition et temps d'intégration des images, épaisseur de coupes, produit de contraste ou type de traceur radioactif administré, décalage temporel par rapport à l'injection du produit, etc.) **ou encore à l'image elle-même** (identification, dimensions de la matrice de pixels, taille des pixels, nombre de bits associés à un pixel, valeurs d'intensité minimum et maximum d'un pixel, facteur d'échelle, rapport de compression, etc.)²².

¹³ Uniquement des niveaux de gris, du noir au blanc.

¹⁴ Pour "*Red, Blue and Green*". Cette échelle est la plus couramment utilisée. Elle se résume à combiner trois couleurs (le rouge, le vert et le bleu) pour synthétiser par juxtaposition une couleur quelconque visible pour nous, êtres humains.

¹⁵ Pour "*Hue, Lightness and Saturation*".

¹⁶ Ce qui veut dire "*Cyan, Magenta, Yellow and black*".

¹⁷ C'est le nombre de couleurs disponibles simultanément sur un écran, desquelles il faut encore soustraire quelques couleurs allouées par le système lui-même.

¹⁸ Ce qu'on appelle usuellement une *LUT* ou *Look Up Table*.

¹⁹ A condition éventuellement de focaliser cette palette de couleurs sur les parties intéressantes de la dynamique du signal.

²⁰ Le stockage des images implique un compromis entre la quantité de mémoire nécessaire à celui-ci et leur qualité, qui est établi en fonction des besoins.

²¹ On y joint encore souvent une palette de couleurs (ou *LUT*) dont on a conversé précédemment... mais pas toujours. Cela laisse alors à l'utilisateur la possibilité de choisir la palette qu'il veut employer ou celle à laquelle il est habitué.

²² Pour avoir plus de détails sur les données complémentaires du header, nous vous renvoyons à la description dans les annexes du format d'images médicales *DICOM*, un des plus utilisés à ce jour... ou au schéma Orienté objets du chapitre 4..

2.2 De l'acquisition à l'interprétation des images médicales numériques

Le **traitement d'images médicales digitales** reprend toute une chaîne d'étapes procédurales que l'on applique successivement aux images²³ dans le **but d'améliorer leur qualité, de faire ressortir des informations de symbolisme croissant ou leurs éléments les plus intéressants**, et donc par là, d'aider le praticien à les interpréter de manière efficace et non erronée. Ainsi, après les étapes d'acquisition, de numérisation, et de visualisation des images mais avant celle de leur interprétation, le **traitement d'images** comprend celles de leur **prétraitement**, de leur **analyse**²⁴ et enfin de leur **coregistration**.

L'ensemble de ces opérations consécutives **nécessite** impérativement une **importante puissance de calcul** que souvent, un ordinateur classique ne peut assurer. On a donc développé, pour augmenter la vitesse de traitement, des processeurs spécialisés dont la structure est généralement du type "*pipeline vectoriel*". Toutefois, nous n'en dirons pas plus les concernant car cela n'est pas le sujet de ce travail.

2.2.1 Acquisition de l'image

Cette étape consiste en l'**acquisition d'un volume patent d'images médicales**. Il s'agit en fait de la **transformation de données purement physiques** (ondes électromagnétiques, photons X ou γ , échos d'ultrasons) **en d'autres électriques**. Eclaircissons ce point ! Quel que soit le principe d'acquisition utilisé et le phénomène physique qui lui coïncide, on devra toujours transformer ce dernier en une grandeur électrique à l'aide d'un capteur. Ensuite, il sera nécessaire d'étalonner rigoureusement ce capteur, procurant un courant ou une tension, pour que la grandeur physique considérée soit une représentation la plus fidèle possible du phénomène physique qui l'a engendré. Usuellement, les techniques d'acquisition d'images médicales ne produisent pas une seule image mais bien un assortiment correspondant à un ensemble de coupes du patient.

2.2.2 Numérisation et Reconstruction de l'image

A ce stade, les **données électriques extraites lors de l'acquisition sont converties, selon le type de machine qui a effectué cette acquisition, en informations résultantes directement interprétables**²⁵ **par l'ordinateur**. En effet, une fois conditionnée, les grandeurs électriques obtenues à l'étape précédente sont transformées en valeurs numériques grâce à des calculs sophistiqués de reconstruction effectués par un convertisseur analogique digital.

Ce sont ces informations qui représenteront l'image numérique sous forme d'une matrice dont les dimensions définiront la taille de la mémoire image. Qu'elle soit faite d'emblée ou secondairement²⁶, cette représentation sous forme de nombres facilitera le stockage des images ainsi que leur transmission, et se prêtera alors très volontiers à diverses manipulations qui constitueront ce qu'on nomme communément le "*traitement numérique et l'analyse de l'image*".

La **numérisation** consiste, on l'a dit, à **transformer l'image analogique initiale en une image numérique**. Elle s'effectue en **deux, voire trois codages** :

²³ Chaque étape de la chaîne dépend des résultats acquis précédemment.

²⁴ Lorsque l'on effectuera l'analyse d'une image, on utilisera de nombreux outils pour faire varier ses différents facteurs : contrastes, couleurs, lissage, filtres, nouvelles échelles de couleurs, rehaussement de certaines structures, mise en évidence de gradients verticaux et horizontaux, etc.

²⁵ Ou presque.

²⁶ Certaines machines d'acquisition sont réglées pour réaliser cette numérisation directement sans que l'homme n'intervienne. Mais il en existe d'autres où ce dernier doit se mêler de l'affaire pour obtenir des données utilisables.

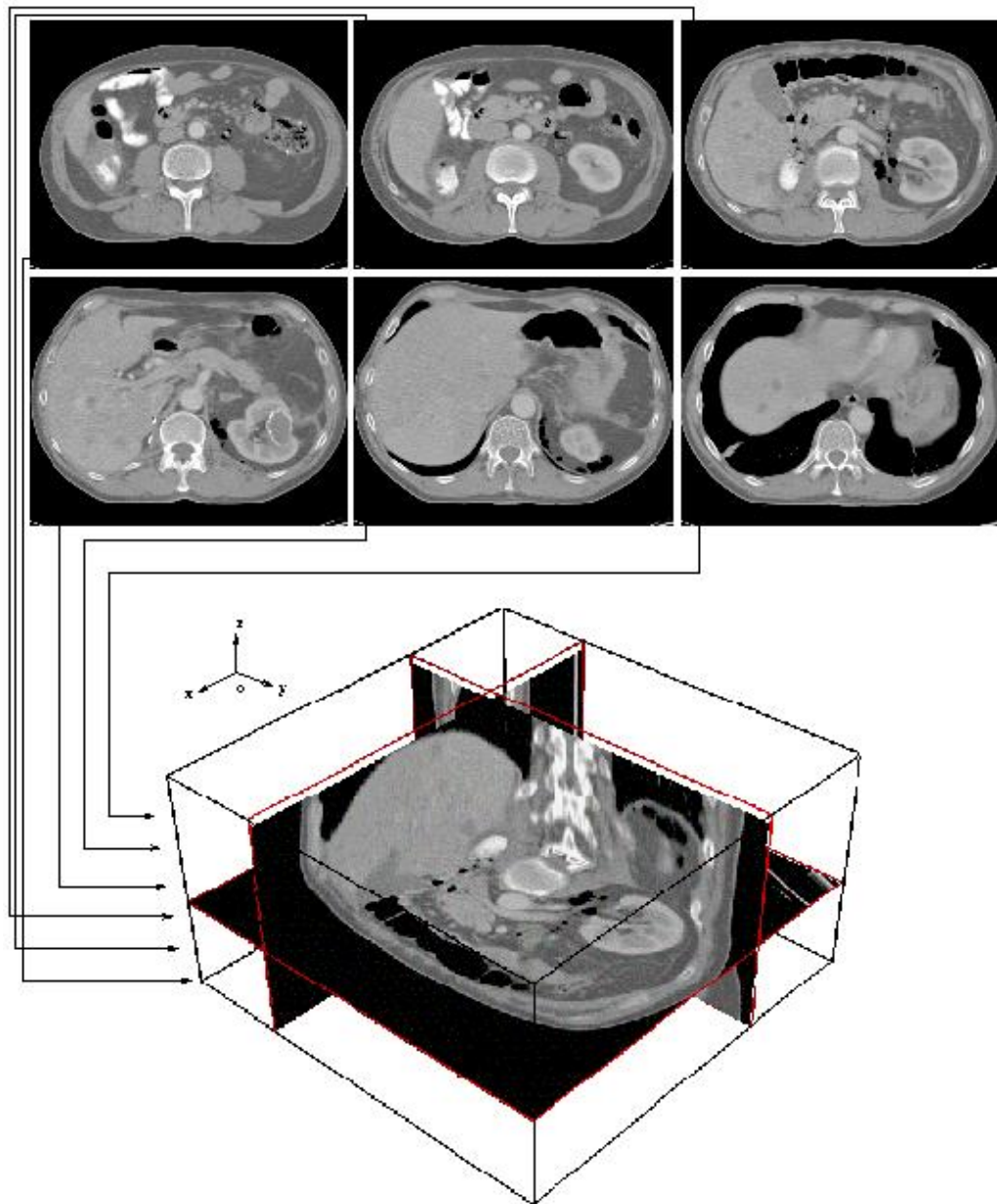


Figure 2.2 - Coupes scanner de l'abdomen et image tridimensionnelle reconstruite ([Ouv16]).

1. **Le codage spatial** : pour rappel, une image 2D est grillagée en un tableau de $N \times M$ cases, appelées des pixels, alors que dans l'espace, un tableau à trois dimensions détermine des parallélépipèdes (ou des cubes), les voxels²⁷. Les côtés du pixel (ou du voxel) et donc sa taille précisent, définissent la résolution spatiale. Plus la taille est petite et moins la numérisation fait perdre d'information. Pour donner des exemples pratiques, la résolution spatiale d'une coupe en médecine nucléaire est encore souvent de l'ordre de 128×128 pixels tandis qu'en radiographie, elle monte à un nombre de 2048×2048 .
2. **Le codage en intensité** : la valeur de chaque pixel, information caractérisant l'importance du phénomène physique perçu, est codée sur un nombre D de bits²⁸. Ainsi, un codage sur huit bits permet de disposer d'une échelle à 256 niveaux tandis qu'un autre sur douze bits nous en donne 4096. C'est donc ce nombre D qui détermine la résolution de contraste (ou en intensité)²⁹ : plus il y a de bits par pixel, plus la résolution est élevée en sachant que les informations utiles ne sont

²⁷ Pareillement, il y en a $N \times M \times P$.

²⁸ En médecine nucléaire, nous savons ainsi pertinemment que c'est le nombre de photons détectés.

²⁹ L'intensité est stockée sur maximum un ou deux octets : de la sorte, 256 niveaux de gris sont codés en 8 bits, soit un octet.

contenues habituellement que dans huit à dix bits (256 à 1024 niveaux)³⁰... et plus cela représente de l'espace à stocker en mémoire.

3. **Le codage temporel** : la résolution temporelle mesure le temps nécessaire pour créer une image. Trente images par seconde est le rythme minimal imposé pour une application en temps réel. Il est ainsi possible à cette vitesse d'obtenir une image nette d'un organe en mouvement comme le cœur.

Par conséquent, si N et M sont respectivement les nombres de pixels par ligne et par colonne, et D le nombre d'octets codant l'intensité, $N \times M \times D$ représente le nombre d'octets minimum³¹ occupés par notre image 2D numérisée.

Quelques remarques dignes d'intérêt sont à signaler :

- L'œil ne pouvant réellement percevoir distinctement que 64 niveaux de gris ou de couleurs, un codage de **1 octet suffit à la résolution en intensité**.
- Les images sont stockées dans des fichiers dont le format varie selon la technique d'acquisition utilisée. Il semble dès lors plus que **nécessaire de trouver un format standard pour toutes les images**³² ou à défaut de pouvoir disposer d'un programme permettant d'en lire les différents formats.

Finalement, **un petit mot sur la reconstruction**. Quasi toutes les modalités d'imagerie contemporaines, nous l'avons déjà évoqué, sont tomographiques et donc basées sur la reconstruction d'un objet à partir d'un ensemble fini de ses projections dans plusieurs directions d'observation. **Une méthode simple et intuitive**³³ **de reconstruction consiste à "épandre" ou plutôt "rétroprojeter" la grandeur physique**³⁴ **mesurée dans chaque point des projections dans la direction de laquelle elle provient**. Autrement dit, cette *rétroprojection* consiste à remplir tous les pixels se trouvant sur le chemin du rayonnement avec une valeur égale à la valeur dans le pixel de la projection d'où il est parti. Chaque projection est successivement rétroprojetée et à chaque fois, on ajoute à l'image en cours de reconstruction les valeurs contenues dans la projection courante. Nous pouvons conclure en avertissant le lecteur que la rétroprojection ou n'importe quelle autre méthode de reconstruction crée bien souvent artificiellement des informations n'existant pas que l'on nomme usuellement des *artefacts*. Pour éviter ce problème ou à tout le moins le minimiser, il faut augmenter au moment de l'acquisition de l'image le nombre de projections³⁵.

2.2.3 Visualisation de l'image

Une fois numérisées, les images sont peut être visualisées et examinées. Dans le cas d'une unique coupe, pas de problème ! Cela revient exactement au même que lorsque nous visionnons une image gag envoyée par un ami via un mail.

Dans le **cas d'une image volumique**, par contre, la technique habituelle de visualisation peut paraître moins intuitive au premier abord que ce qu'une personne non experte dans le domaine aurait pu penser : **il ne s'agit pas généralement de rendu 3D mais d'une juxtaposition de trois fenêtres graphiques où dans chacune de celles-ci se trouve une coupe 2D orientée selon l'un des trois axes orthogonaux déjà évoqués (axial, coronal et sagittal)**. Le **point central de chaque fenêtre**

³⁰ Pour une image "Gray-Scale", les 256 niveaux concordent donc à 256 niveaux de gris. Pour une image en couleurs, le même principe s'applique pour chacune des couleurs fondamentales (rouge, vert, bleu dans le cadre du *RGB*).

³¹ Pour rappel, une image comporte d'autres informations que les valeurs brutes de pixels !

³² Nous soulevons du reste ce problème dans l'annexe consacrée aux différents formats de fichiers d'images médicales fréquemment croisés en milieu hospitalier.

³³ On peut noter qu'il en existe d'autres mais nous n'en ferons pas allusion.

³⁴ Un rayonnement en fait.

³⁵ Une soixantaine de projections est un minimum mais un nombre trop élevé accroît considérablement la durée d'acquisition de l'image. Notons que dans l'absolu, un nombre infini de projections se révèle théoriquement nécessaire pour reconstruire une image parfaitement fidèle à l'objet examiné. Toutefois, par la force des choses (et les raisons invoquées auparavant), c'est irréalisable : il faut donc se contenter d'un nombre restreint de projections.

correspond bien sûr au même voxel de l'image volumique.

Avec un tel procédé, *l'utilisateur peut facilement se situer dans le volume et s'y balader en cliquant au choix sur un point quelconque d'une des trois fenêtres*. Par cette action, les deux autres fenêtres sont réactualisées et affichent alors quasi instantanément les coupes correspondant au point sélectionné, et donc au voxel associé.

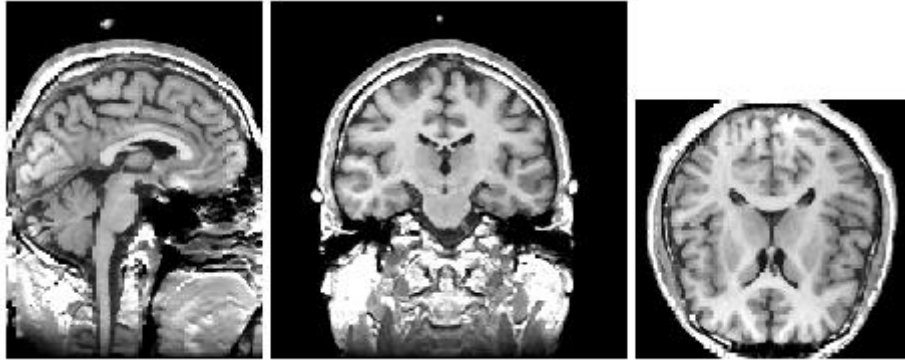


Figure 2.3 - Visualisation d'une image volumique IRM d'un cerveau. La première fenêtre coincide à la coupe sagittale, la seconde à la coupe coronale et finalement, la troisième à la coupe axiale ([Ouv16]).

Rendu 3D d'objets

Dans le cas d'images tridimensionnelles, il peut parfois quand même s'avérer fort utile de disposer d'un rendu 3D des objets contenus dans ces images, afin d'en avoir une perception plus complète et plus aisée que dans une observation coupe par coupe. C'est particulièrement le cas par exemple dans la situation où on souhaite visualiser un volume d'un objet d'intérêt comme une tumeur, ou sa position spatiale relative par rapport à un autre objet comme un organe.

Dans ce domaine, on distingue deux catégories de techniques de rendu : le **rendu de volumes** et le **rendu de surfaces**. Le rendu de volumes envisage la visualisation complète du volume considéré de voxels possédant chacun des propriétés d'opacité et de couleur propres. Le rendu de surface, par contre, ne montre que les surfaces des objets, et non l'ensemble de leurs voxels en volume. Il se base sur un modèle d'illumination de la scène observée, et calcule les réflexions des rayons émis par une source lumineuse, placée en un endroit choisi, sur la surface des objets.

2.2.4 Prétraitement de l'image

La phase de prétraitement consiste à **améliorer la qualité de l'image ainsi que la visibilité de certaines structures ou caractéristiques**; ce qui se traduit essentiellement par l'**élimination des imperfections** dont souffrent la majorité des images médicales. Ces imperfections, qui affectent bien évidemment la véracité des images, sont dues foncièrement à certaines perturbations extérieures ou intrinsèques à l'appareil générateur des images³⁶ ainsi qu'au processus physique d'acquisition³⁷.

Pour y remédier, le **prétraitement d'images recrée une image rectifiée**, dans laquelle on a gommé plusieurs de ces défauts. Les algorithmes dédiés à cet effet permettent classiquement de *transformer la valeur de chaque pixel de l'image de départ en une nouvelle valeur par l'application d'une suite d'opérations mathématiques*. Ces opérations sont assez généralisables et indépendantes du domaine d'application ainsi que du suivi ultérieur du parcours de l'image. Elles se justifient donc pleinement comme première étape, préliminaire à une analyse ou une interprétation de l'image, et ce d'autant plus dans l'objectif de poser un diagnostic nécessitant une remarquable précision comme les

³⁶ Comme les imprécisions de mesures inhérentes à tout instrument, le bruit électronique, la limitation de transmission/bande passante ou les artefacts de reconstruction.

³⁷ Dans ce cas, les dégradations sont généralement de types géométrique (forme des récepteurs "optiques"), ondulatoire (atténuation, diffusion et diffraction des rayonnements) ou mécanique (déplacement de l'objet dont on souhaite une image).

interventions chirurgicales assistées par ordinateur. Les prétraitements peuvent grosso modo se cataloguer en **trois catégories** :

- **Sur la géométrie** : rééchantillonnage préalable des images afin d'obtenir des voxels cubiques et non plus en forme de parallélépipèdes³⁸.
- **Sur les intensités** : diminution de la résolution en intensité des images (passage de seize à huit bits par pixel), modification des contrastes, shift de l'échelle des couleurs, ou encore "égalisation" des histogrammes.
- **Sur les images** : restauration des images par application de filtres réducteurs de bruit ou par correction des distorsions³⁹, suppression des parties non porteuses d'informations comme les bords ou le fond de l'image.

Nous allons du reste illustrer ci-dessous les deux dernières catégories.

2.2.4.1 La restauration d'images

Deux exemples familiers en restauration d'images résident dans la correction des distorsions et l'*atténuation du bruit*, appelée également *débruitage*.

2.2.4.1.1 Le débruitage

Le débruitage repose sur le modèle qui suggère qu'une image observée est constituée, à son acquisition, d'une information utile affectée d'une variation non désirée, typiquement additive ou multiplicative, qu'on appelle le *bruit*. Cette opération, effectuée sur toute l'image, étudie ce bruit et traite l'image afin de le supprimer au mieux. **Le bruit**, qui peut avoir des origines variées⁴⁰, **se caractérise par une atténuation de contraste et par un gommage des contours des objets**. Il existe de très **nombreuses méthodes pour le réduire**. Ainsi, par exemple, les **techniques de filtrage linéaire** recalculent l'intensité lumineuse de chaque point en fonction de celles des points adjacents en appliquant des filtres "*pas-se-bas*" qui tout en réduisant le bruit dans l'image tendent à lisser les contours; ce qui rend l'image un peu floue. Le filtrage linéaire le plus courant transforme le pixel au centre d'un carré de 3x3 pixels, en fonction de ces huit voisins, grâce à une moyenne des neuf intensités considérées⁴¹. Cela permet d'ôter les valeurs aberrantes⁴² mais parfois aussi certains détails.

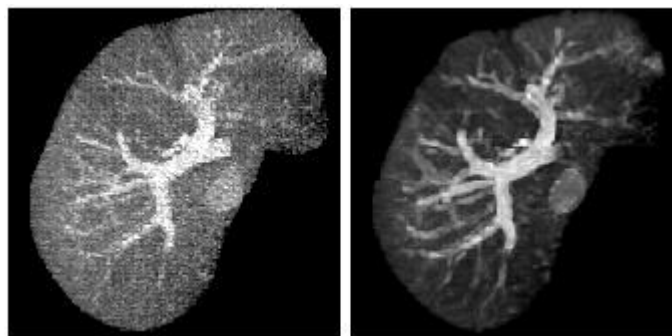


Figure 2.4 - Autre technique : la diffusion anisotrope, très efficace pour lisser une image tout en préservant les discontinuités importantes, produit des résultats remarquables. En voici une illustration sur une image scanner du foie ([Ouv17]).

2.2.4.1.2 La correction des distorsions (ou du biais)

³⁸ On parle alors de *Reslicing*.

³⁹ Ou déformations locales.

⁴⁰ En tomодensitométrie ou en médecine nucléaire par exemple, il est surtout d'origine quantique, lié au caractère aléatoire de l'atténuation des rayonnements par les tissus et/ou à leur déviation (dans le cas des photons gamma).

⁴¹ Fréquemment, à partir de l'image originale, est réalisé soit un filtrage unique, soit quatre ou neuf filtres successifs.

⁴² Ces valeurs sont reprises dans la littérature anglo-saxonne sous le vocable "*Outliers*".

Les procédés d'imagerie ne sont pas parfaits et peuvent eux-mêmes créer des distorsions géométriques. Ce sont des **déformations virtuelles dans la mesure où elles ne caractérisent pas une évolution physique de l'objet**. Le simple fait qu'une image numérique soit échantillonnée à une certaine résolution spatiale implique fatalement une incertitude sur la localisation de l'objet représenté; ce qui représente en soi une source de distorsion géométrique. D'autres types de distorsions, parfois beaucoup plus sévères, sont dues à l'inexactitude des modèles qui sous-tendent les procédés d'imagerie (hypothèse de célérité constante en imagerie ultrasonore, ou de linéarité du champ magnétique en IRM, etc.). Ainsi, en scintigraphie par exemple, à cause de la non-uniformité des caméras à scintillations usitées, on n'obtient pas constamment une image parfaitement uniforme. Effectivement, il subsiste toujours inévitablement une distorsion liée à la structure du détecteur et aux photomultiplicateurs utilisés pour localiser le point d'impact des photons incidents.

Il existe quelques méthodes autorisant la correction du biais de l'image, tout en réalisant une classification des points selon le milieu auquel ils appartiennent. Ainsi, l'algorithme "*Expectation-Maximisation*"⁴³, appelé également pour plus de facilités algorithme EM, en est un parfait exemple. Pour résumer, il consiste tout simplement en une approche itérative dans laquelle, à partir d'une classification initiale, on optimise successivement le calcul du biais puis une nouvelle classification.

2.2.4.2 Modification du contraste d'une image

Le calcul de l'**histogramme d'une image** permet de **représenter le nombre de pixels pour chaque intensité (souvent des niveaux de gris) de l'image**. On peut aussi le rencontrer sous sa forme **normalisée** : dans ces circonstances, ce n'est pas le nombre mais la proportion de pixels de l'image pour chaque intensité qui est prise en compte⁴⁴. Le graphique du côté gauche de la figure 2.5 située ci-dessous en donne un simple aperçu.

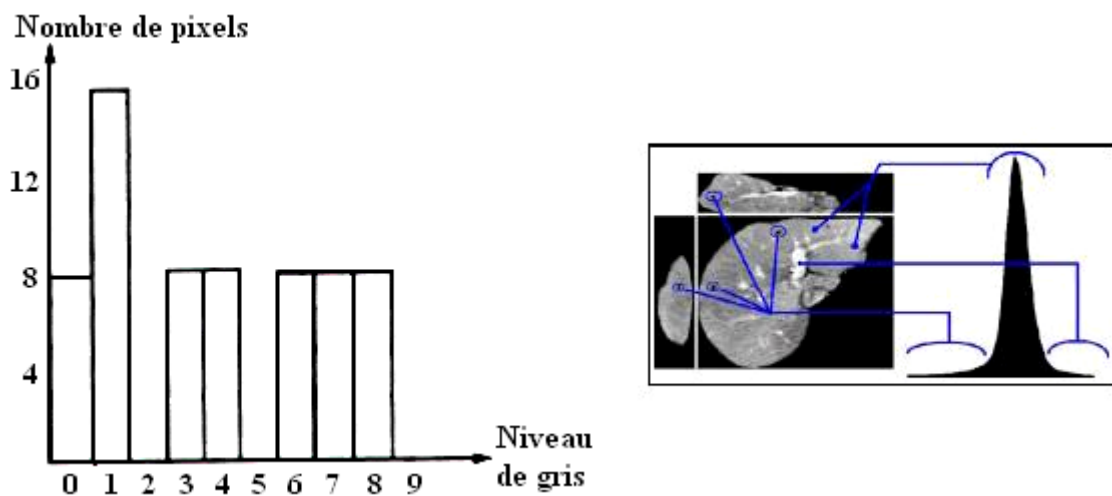


Figure 2.5 - A gauche, simple exemple d'histogramme à dix niveaux de gris ([Ouv15]). A droite, correspondance entre intensités et types de tissus. Ainsi, sur l'histogramme, nous avons de gauche à droite les intensités concordant respectivement avec des lésions, le foie, et des vaisseaux ([Pub28]).

L'analyse de l'histogramme offre la possibilité d'apprécier la répartition des niveaux de gris d'une image et de juger de la qualité de la numérisation. **Si l'histogramme est très étendu et dispersé, tenter de changer les contrastes ne va rien apporter**. Au contraire, il y aura une perte non négligeable d'informations intéressantes. **Si, par contre**, il se montre assez concentré, groupé par exemple vers les faibles valeurs d'intensité, les fortes valeurs délaissées ne présentent aucun intérêt et se révèlent totalement inutiles. En conséquence, dans ce cas, **l'image est trop peu contrastée**. Des **transformations bien choisies de l'histogramme**, comme une diminution de l'étendue des valeurs d'intensité possibles entraînant la génération de nouvelles valeurs d'intensité pour chaque pixel de

⁴³ Nous vous renvoyons pour plus de détails à la référence [Pub 2].

⁴⁴ Mais cela revient exactement au même. Disons que la forme normalisée se voit plus souvent quand on utilise la notion généralisée d'*histogramme (con)joint* de deux images I et J (supposées de mêmes dimensions pour simplifier), défini comme le tableau de contingence des couples de valeurs d'intensités associés aux pixels (ou voxels) appariés.

l'image, **améliorent alors significativement le contraste perçu visuellement par l'opérateur humain.**

Dans le même genre d'idée, il est très souvent profitable (et parfois même véritablement salubre) de remanier la palette de couleurs⁴⁵ de l'échelle utilisée⁴⁶... ou carrément de substituer l'échelle en question.

2.2.5 Analyse et Description de l'image

L'analyse de l'image vise l'extraction des paramètres et donc sa **caractérisation optimale**. En d'autres mots, elle s'efforce à **transformer les données** beaucoup trop abondantes de l'image étudiée **en une représentation numérique de dimension plus raisonnable sous forme de caractéristiques consistant en une ou plusieurs mesures représentatives d'objets présents dans l'image en question**. Cette phase d'analyse **inclut** entre autres la **description des formes de l'image**... et notamment sa **segmentation** dont le **but premier** consiste à **isoler les éléments constitutifs de l'image**, c-à-d à la répartir en différentes zones ou régions permettant par la suite de décrire ses caractéristiques.

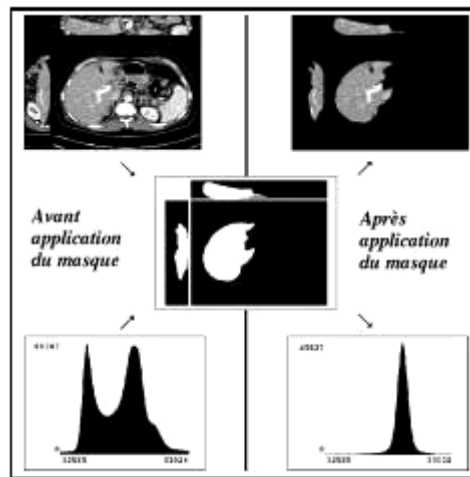


Figure 2.6 - Exemple de ce que l'on peut réaliser en analyse d'images : application du masque du foie (en position centrale sur le croquis) sur l'image (en haut à gauche) donnant l'image réduite (en haut à droite) et effet sur l'histogramme d'intensité avant (en bas à gauche) et après application (en bas à droite) ([Pub28]).

2.2.5.1 Segmentation des images

La **segmentation d'images** représente en général un domaine important en traitement d'images, et en particulier, une **étape essentielle de l'analyse de formes**. Elle consiste en effet à **décomposer une image** sur base de l'intensité du signal, du contraste et/ou de la connectivité⁴⁷, ainsi qu'à **extraire les points, les segments de lignes ou les régions résultants** qui seront ensuite utilisés en tant que **données dans une tâche complémentaire** comme le **recalage**⁴⁸, l'analyse du mouvement, ou encore la **visualisation**.

Formellement, la **segmentation d'une image I** revient donc à **partitionner le domaine spatial de cette image en un nombre fini de sous-ensembles uniformes, homogènes et mutuellement exclusifs I_1, \dots, I_n** .

⁴⁵ Pour rappel, on dit plutôt "Look Up Table (LUT)".

⁴⁶ Un changement de palette de couleurs visualisées peut donc se concevoir comme un "shift de l'échelle de couleurs".

⁴⁷ La connectivité est une relation d'intensité entre un pixel et ses voisins qui permet de les regrouper en régions. On dit qu'une région R est *connexe* si deux pixels quelconques appartenant à R peuvent être reliés par un chemin, lui-même composé entièrement de pixels appartenant à R .

⁴⁸ Synonyme de la *coregistration*.

Autrement dit, l'image I vérifie l'égalité $I = \bigcup_{i=1}^n I_i$ où $I_k \cap I_j = \emptyset$ et $k \neq j$.

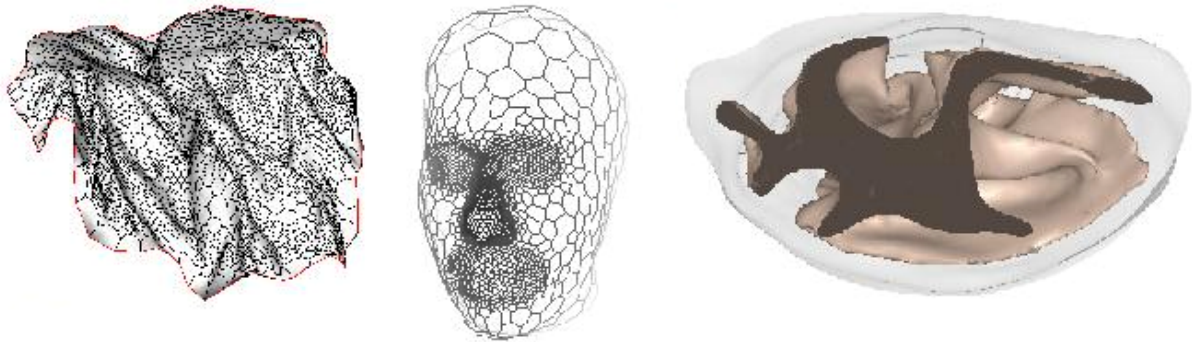


Figure 2.7 - Exemples de segmentation de données d'origines différentes. De gauche à droite : fond marin à partir d'une carte de profondeur, visage à partir d'un nuage de points avec raffinement local de la surface et partie d'un cerveau de singe à partir de coupes histologiques ([Ouv16]).

Ces sous-ensembles sont reconnus comme des régions. Par conséquent, le **but de la segmentation dans le cadre de l'imagerie médicale** revient à **disposer des régions symbolisant précisément les objets d'intérêt dans l'image**⁴⁹.

Des **régions** sont *homogènes* si elles obéissent à une règle d'homogénéité prédéterminée. L'homogénéité garantit que **des voxels d'une région soient suffisamment statistiquement similaires à d'autres voxels de la même région, et plutôt différents de ceux des régions adjacentes**. Il n'existe pas de définition mathématique "stricte" pour l'homogénéité d'une région, et cela varie souvent d'une méthode à l'autre⁵⁰. Une **possible exigence d'homogénéité** est que la **différence entre l'intensité d'un pixel et celle moyenne de la région à laquelle il appartient doit être moindre qu'un seuil défini**.

Une introduction sur ce sujet a été publiée dans [Pub3]. Il n'y a *pas de solution générale au problème de la segmentation*, mais plutôt un **ensemble de différents outils et stratégies que l'on peut combiner pour résoudre des problèmes typiques**. Ainsi, dans certains cas, des méthodes de traitement de bas niveau suffiront, alors que dans d'autres, il sera fait appel à des traitements de plus haut niveau, nécessitant l'apport d'informations spécifiques au problème.

2.2.5.1.1 Les différentes approches de la segmentation

Selon les particularités de l'image dont on dispose, on peut globalement distinguer **quatre approches principales** au problème de la segmentation :

1. les **méthodes basées sur le seuillage**, qui reposent sur le postulat que *tous les pixels dont la valeur se trouve dans un certain intervalle appartiennent à une même classe*⁵¹;
2. les **méthodes reposant sur la détection de contours**, où la *caractéristique exploitée* est une *transition très marquée d'intensité lumineuse entre les régions de l'image*⁵²;
3. les **méthodes basées sur les régions et leur texture**, où il est fait appel aux *caractéristiques d'homogénéité des pixels (selon un certain critère) à l'intérieur de chaque région*⁵³;

⁴⁹ Pour cette raison, on les appelle communément des *régions d'intérêt* (ou ROIs pour le terme anglais "Region Of Interest").

⁵⁰ En fait, c'est fonction du domaine d'application.

⁵¹ L'intensité d'un pixel est "travaillée", confrontée avec une ou plusieurs valeurs seuil, tel que tous les pixels d'intensité supérieure à un seuil quelconque appartiennent à une région différente de celle en dessous de ce seuil.

⁵² La détection des différences d'intensité entre points voisins de l'image donne lieu au dessin de contours qui en se rejoignant composent les segments de l'image.

⁵³ Ce genre de méthodes s'intéresse aux ressemblances entre points avoisinant de l'image qui sont alors regroupés aussi longtemps que le critère fondamental d'homogénéité choisi est vérifié.

4. et finalement, les **méthodes** dites **hybrides**, empruntant les caractéristiques des deux dernières familles de méthodes précédentes. Un exemple parlant de telles méthodes reste la **morphologie mathématique** qui occupe une place bien à part parmi toutes les méthodes de segmentation existantes.

Les *deuxième et troisième catégories* se proposent de résoudre le problème de la *segmentation de façon duale*. En effet, connaissant une région, on peut en définir complètement le contour et chaque contour fermé représente entièrement une région. Mais, par la nature même des algorithmes utilisés dans ces deux approches, les résultats peuvent s'avérer fort différents et donc apporter des informations complémentaires. Cela explique l'apparition des **méthodes** de segmentation **hybrides**, qui **combinent les particularités et qualités des détecteurs de contours et de régions**.⁵⁴.

Nous donnons ci-dessous un aperçu de ces divers types de méthodes de segmentation, sans pour autant entrer dans les détails.

2.2.5.1.1.1 Le Seuillage

Les méthodes de segmentation basées sur le seuillage⁵⁵ considèrent que **tous les pixels dont la valeur d'intensité⁵⁶ se trouve dans un certain intervalle appartiennent à une même classe, un même objet**. Puisque les voxels d'un objet dans une image tendent à avoir des valeurs d'intensité assez proches, un ensemble approprié de valeurs limites, qu'on appelle *seuils*, segmentera l'image en régions "significatives"⁵⁷.

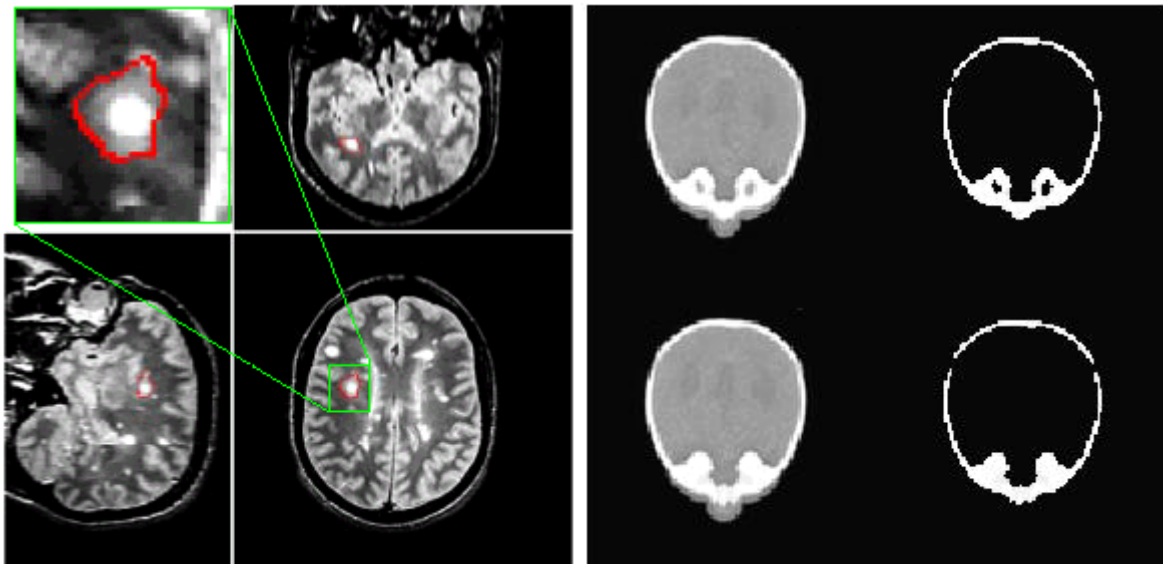


Figure 2.8 - Dans l'image de gauche, on voit que le seuillage permet de segmenter des lésions qui se contractent ([Pub29]). Dans l'image de droite, nous procédons à une segmentation du crâne : en seuillant l'intensité de l'image scanographique originale dont nous voyons deux coupes à gauche, nous pouvons facilement extraire la partie osseuse (à droite) ([Ouv16]).

C'est la manière de choisir ces seuils entre chaque région qui différencie ces méthodes. Ceux-ci peuvent être déterminés de façon interactive par l'utilisateur ou bien découler d'algorithmes de sélection automatique. À côté de cela, on déduit très vite que l'avantage majeur de ces méthodes se situe dans leur rapidité : **une fois que le ou les seuils sont connus, il y a une simple comparaison à effectuer pour chaque pixel**. Malencontreusement, pour une méthode automatique, cette rapidité sera quelque peu diminuée car le calcul des seuils se montrera plus compliqué.

Notons que la *technique de segmentation par seuillage garantit l'homogénéité mais pas la connectivité des régions* et cela s'explique facilement : **le seuillage se base exclusivement sur les**

⁵⁴ Cette sorte de méthodes est clairement de plus haut niveau.

⁵⁵ Ce qui est appelé le *Thresholding* dans la littérature anglo-saxonne.

⁵⁶ Symbolisant évidemment un niveau de gris ou une couleur.

⁵⁷ Dans le cas où un unique objet semble intéressant dans l'image, un seul seuil suffit alors pour le distinguer du "background" (fond) de l'image.

valeurs d'intensité des pixels, et ne tient absolument pas compte des considérations de voisinage.

On peut signaler également que régulièrement, **le choix d'un ou de plusieurs seuils repose sur l'utilisation de l'histogramme des niveaux de gris** (ou de couleurs) **de l'image**⁵⁸. En effet, si l'image est constituée d'objets dont l'intensité de chacun est approximativement identique à celle des autres et ne diffère que de celle du fond, l'histogramme de l'image est alors bimodal. Les pixels des objets forment un pic et ceux du fond un autre. La forme de l'histogramme illustre le fait que les niveaux de gris entre les deux pics sont peu nombreux dans l'image. Le seuil recherché doit minimiser l'erreur de segmentation : il est donc logique de le choisir au minimum de l'histogramme entre les deux pics. Il est aussi possible de modéliser les pics par des fonctions, par exemple des normales gaussiennes, et d'en rechercher l'intersection.

Si par contre l'histogramme est multimodal, davantage de seuils doivent alors être définis. Dans le cas le plus simple où les pics sont bien visibles et différenciés, ce type de méthodes est à la fois rapide et efficace. En revanche, dans des cas plus complexes, l'interprétation même de l'histogramme, la détermination du nombre de modes ou la recherche des minima significatifs peuvent s'avérer quasiment impossibles et la méthode complètement inefficace⁵⁹.

On peut conclure cette section en affirmant que d'une part, le seuillage, qui demeure à ce jour l'opération de segmentation la plus simple, consiste à extraire des "zones" dont l'intensité lumineuse est supérieure à un seuil fixé... et d'autre part, que les *surfaces de telles zones*, appelées dans la littérature avertie des *iso-surfaces*⁶⁰, sont **définies chacune par une fonction implicite** et peuvent s'approcher plus finement que la matrice originelle de l'image par un ensemble de facettes polygonales⁶¹ (voir la figure 2.7).

2.2.5.1.1.2 La détection de contours⁶²

Les **méthodes** fondées sur la détection de contours **décèlent** dans une image **les pixels séparant deux régions attenantes caractérisées par des propriétés statistiques différentes, et reposent sur le postulat que les valeurs d'intensité de ces pixels varient brusquement à la "frontière" entre régions.**

Un **contour** se définit donc comme une **forte variation locale d'intensité lumineuse de l'image**, et son emplacement se trouve être le "*centre*" de l'étendue de pixels à travers laquelle a lieu un changement éloquent dans l'intensité de l'image⁶³. Un **contour** se décrit souvent comme une **fine ligne fermée large d'un pixel enveloppant, englobant une région homogène**. Lorsqu'on désire étudier ces variations d'intensité dans une image, il paraît donc judicieux de prendre en compte, à un moment ou à un autre, la dérivée du profil de l'intensité lumineuse. Dans ce type d'approches, la **détection de contours** revient ainsi à un **problème de différentiation d'images** et les **opérateurs** détectant les contours sont donc **exprimés en termes de dérivées partielles**.

Un grand nombre de ces méthodes se basent sur la **recherche des extrema locaux de la dérivée première de l'image, ou des passages par zéro de la dérivée seconde**. En effet, à l'endroit d'un contour, la dérivée première de l'image devrait présenter un extremum et la dérivée seconde un passage par zéro. Comme il s'avère en pratique nettement plus aisé et souvent plus précis de rechercher des passages par zéro que des extrema locaux, les méthodes par *Zero Crossing* ont été

⁵⁸ Mais pas exclusivement ! Dans une autre approche de la détermination des seuils, il peut être fait appel à la notion de *matrice de cooccurrence* de l'image, matrice carrée dont l'élément (i,j) représente le nombre d'occurrences dans l'image de deux pixels adjacents d'intensité respective i et j. Il s'agit donc d'une sorte d'*histogramme bidimensionnel* !

⁵⁹ Bien entendu, dans ces circonstances, il est nécessaire de se tourner vers une *variante*. Il en existe quelques unes. Jusqu'à présent, les différents seuils étaient déterminés en considérant uniquement une mesure globale de l'image extraite de son histogramme mais on peut y ajouter une influence locale en tenant compte par exemple de la valeur d'intensité moyenne autour des pixels que l'on veut classer ou même de leur position au sein de l'image étudiée. Pour plus de détails à ce sujet, nous renvoyons le lecteur à l'ouvrage [Ouv14] de KUNT et consorts.

⁶⁰ On emploie également l'expression plutôt barbare "*surface d'iso-intensité*".

⁶¹ Voir par exemple à ce propos l'article [Pub8] sur l'algorithme des "*Marching Cubes*" introduit par LORENSEN et CLINE.

⁶² Edge Detection ou Boundary Detection en anglais.

⁶³ Plus simplement, un contour représente le lieu des points connexes possédant une forte transition d'intensité lumineuse.

singulièrement étudiées.

Remarquons tout de même que, pour que la dérivation soit efficace, il semble fréquemment nécessaire de procéder à un **filtrage préalable** de l'image. Assurément, pour que les contours détectés aient un sens physique au niveau du contenu de l'image, il est essentiel de limiter par filtrage la gamme des variations à déceler, faute de quoi toute variation de luminance, si petite soit-elle, sera considérée comme étant un contour. La démarche complète d'extraction de contours comprend donc **deux étapes : un filtrage passe-bas à l'échelle souhaitée, suivi d'une détection des zéros de la dérivée seconde de l'image filtrée**.

Mentionnons, parmi les nombreuses méthodes de détection de contours existant à ce jour, deux techniques dignes d'intérêt : le détecteur de MARR-HILDRETH et la ligne de partage des Eaux. Nous vous incitons, pour plus amples informations, à consulter à ce propos la thèse de J.-P. THIRAN⁶⁴ ainsi que le mémoire de A. DE JACQUIER DE ROSEE, intitulé "*Segmentation and Edge detection of Medical Images*".

2.2.5.1.1.3 Les régions

Dans les méthodes présentées juste auparavant, le but consistait à déterminer les régions par leurs contours en détectant les discontinuités présentes dans l'image. Nous allons aborder désormais un assortiment de méthodes définissant ces régions de façon plus directe. *Proximité géométrique*⁶⁵ ainsi qu'*homogénéité* au sein de toute région sont les critères fondamentaux usités par l'ensemble des méthodes de segmentation orientées régions, dont le **principe** commun est de **diviser l'image pour produire des régions connexes d'homogénéité maximale**. Le critère d'homogénéité peut s'appuyer entre autres sur l'histogramme des niveaux de gris ou sur des modèles.

Les méthodes classiques sont cataloguées en *Region-Growing*⁶⁶, *Region-Splitting* ou encore en *Split-and-Merge*.

2.2.5.1.1.3.1 La fusion de régions : le "*Region-Growing*"

Le "*Region-Growing*" rassemble les **techniques qui groupent des pixels ou des sous-régions adjacents dont les attributs varient d'une façon négligeable en régions plus importantes, plus larges**. La plus naturelle de ces techniques, connue sous le nom de technique d'*agrégation de pixels*, consiste à débiter sur l'image au niveau de certains pixels. Ces derniers, désignés dans la langue anglaise par le mot "*seed*", représentent chacun une région initiale et sont choisis de manière interactive par l'utilisateur. Chaque région "souhaitée" de l'image en possède ordinairement plus d'un. Un moyen rudimentaire de les déterminer se réduit à utiliser l'histogramme de l'image : en effet, pour des motifs évidents, on choisit les pixels de l'image dont l'intensité lumineuse correspond aux pics de l'histogramme.

Ensuite, **des régions adjacentes sont fusionnées les unes aux autres, dans un ordre choisi, sous l'astreinte d'un critère fixé** (tel que niveau de gris, texture, ou couleur) **jusqu'à ce que ces régions recouvrent entièrement l'image... et en s'assurant bien à chaque fois que les régions résultantes restent homogènes**⁶⁷.

D'autres méthodes élémentaires existent. Leur principe n'est pas plus compliqué : elles commencent par fusionner les régions segmentées en blocs de 2x2, 4x4 ou 8x8 pixels. Le critère de fusion peut être basé par exemple sur leurs propriétés statistiques (moyenne, variance, etc.). Ces propriétés sont alors comparées avec celles des régions adjacentes, et s'il y a similitude, les régions sont fusionnées. Sinon, elles sont reconnues comme ne vérifiant pas le critère de fusion. Ce processus

⁶⁴ C-à-d la référence [Ouv 7].

⁶⁵ On sous-entend par *proximité géométrique* le fait que les pixels se situant dans un même voisinage tendent à adopter de propriétés statistiques analogues et appartiennent à une même région de l'image.

⁶⁶ On dit plus naturellement Segmentation par croissance de régions.

⁶⁷ Remarquons tout de même que bien que les régions soient homogènes, *rien ne garantit qu'un pixel est alloué à sa "vraie" région*.

se poursuit jusqu'à ce qu'aucune région ne puisse être à nouveau fusionnée avec l'une de ces voisines.

Il existe bien entendu un grand nombre de variantes de ce type de méthode. Ainsi, A. DE JACQUIER DE ROSEE évoque dans [Ouv9] une méthode intitulée "*Competitive Region Growing*".

2.2.5.1.1.3.2 La division de régions : le "*Region-Splitting*"

La division de régions est *l'antinomique de la fusion*. Cette approche suppose **initialement** que **l'image complète est une et une seule région homogène**. Elle se voit **par la suite scindée progressivement** jusqu'à ce que les régions ainsi créées satisfassent le critère d'homogénéité retenu. Bien que la définition de cette **méthode soit duale par rapport à la fusion de régions** décrite ci-dessus, les résultats obtenus ne sont pas forcément identiques, et cela même si l'on fait appel au même critère d'homogénéité, par le simple fait que l'initialisation est différente.

2.2.5.1.1.3.3 Méthode mêlant division et fusion de régions : le "*Split-and-Merge*"

La **combinaison de la division et de la fusion** est une approche fort **efficace** de la segmentation. Elle **fonctionne sur base d'une représentation pyramidale de l'image** et se compose de **deux phases successives** : **primo**, la division de l'image en blocs, et **secundo** le **rassemblement d'une partie de ces blocs**.

Chaque région bloc a une forme carrée correspondant à un des éléments d'un niveau de la pyramide. **Si une région d'un niveau n'est pas homogène, elle est divisée en quatre nouveaux quadrants d'égales surfaces au niveau inférieur**. Dans le cas contraire, elle est laissée telle quelle. De même, **si deux régions attenantes, à un niveau quelconque de la pyramide, ont des valeurs très proches du critère d'homogénéité, elles sont fusionnées au niveau supérieur**⁶⁸.

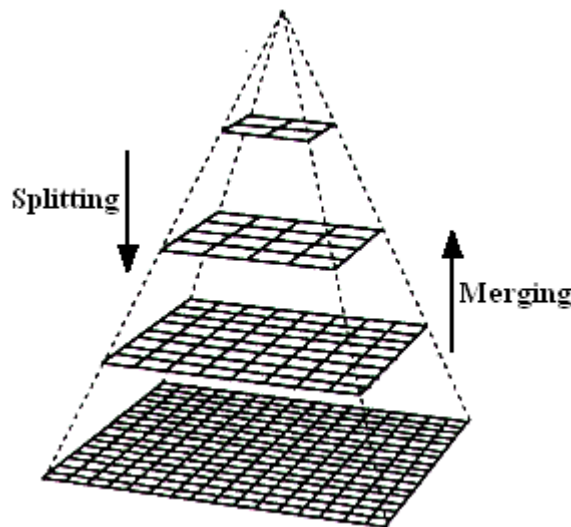


Figure 2.9 – Le Split-and-Merge et la représentation pyramidale de l'image qui y est jumelée ([Ouv7] et [Ouv14]).

Ce **processus récursif**, dont la **condition d'arrêt** est la **satisfaction du critère d'homogénéité pour chacun des blocs de l'image quelle que soit sa taille**, peut se représenter par une structure en arbre où chaque feuille correspond à une région homogène. Il faut aussi remarquer que cette méthode "*Split-and-Merge*" produit moins de régions que celles du "*Region-Splitting*", mais elles sont plus lisses !

Comme dans toutes les méthodes de croissance de régions, le choix du critère d'homogénéité est essentiel et dépend fortement de l'hypothèse d'existence d'un modèle sous-jacent capable de décrire avec précision les propriétés des régions. Si l'image à traiter est relativement simple, cette approche

⁶⁸ Remarquez que s'il se présente le cas où plus d'une fusion est possible, on choisit la meilleure fusion.

peut être basée sur des propriétés locales de l'image. Par contre, si l'image est très complexe, même l'usage de critères élaborés peut se révéler inefficace.

2.2.5.1.1.4 Segmentation fondée sur la morphologie mathématique

Les méthodes de segmentation dites morphologiques peuvent être classées dans la catégorie des méthodes hybrides, car elles reposent à la fois sur une notion de régions et de contours. Issues de la théorie de la *Morphologie Mathématique* qui propose une théorie et des opérateurs que l'on peut appliquer localement dans les images pour extraire et modifier des formes⁶⁹, elles comptent parmi les méthodes de segmentation les plus efficaces dans bon nombre de problèmes. Un exemple d'application à des images médicales pour segmenter des structures anatomiques est proposé dans [Pub11].

2.2.5.1.2 Les principaux axes de recherche actuels en segmentation

2.2.5.1.2.1 Modèles déformables

Les **modèles déformables utilisent des courbes ou des surfaces** évoluant dans un espace 2D ou 3D **servant à délimiter au mieux une structure anatomique ou pathologique**. L'évolution du modèle est guidée par l'optimisation simultanée de deux critères. Le premier mesure la régularité géométrique du modèle, en s'appuyant par exemple sur le calcul de sa courbure locale. Le second mesure une propriété de l'intensité lumineuse aux points de l'image traversés par le modèle déformable, par exemple la norme du gradient de l'intensité lumineuse pour favoriser l'attraction du modèle vers des points de fort contraste.

Ces **méthodes** sont très **efficaces lorsque l'utilisateur peut initialiser le modèle de manière approximative autour d'une région d'intérêt**. Le modèle déformable évolue alors depuis cette solution initiale grossière, pour délimiter avec précision et de manière automatique la frontière de la région recherchée. Cette approche est généralement **beaucoup plus robuste que le simple seuillage de l'intensité lumineuse**.

Ces modèles sont également très populaires dans l'analyse des séquences temporelles d'images : en effet, la solution à un instant donné sert d'initialisation dans l'image acquise à l'instant suivant. Sur l'utilisation des modèles déformables en analyse d'images médicales, un excellent état de l'art a été proposé par MCINERNEY et TERZOPOULOS⁷⁰.

2.2.5.1.2.2 Analyse multi-échelles (ou multi-résolutions)

L'analyse multi-échelles des images demeure désormais un axe de recherche très actif. Il s'agit d'appliquer une théorie qui permette **d'effectuer une analyse de l'image à des résolutions variables et de construire à partir de là une représentation hiérarchique de l'image ou de ses attributs**.

Expliquons-nous ! **A de trop fines résolutions, les attributs essentiels de l'image sont littéralement perdus dans une foule de détails de moindre importance**. Par contre, **à des échelles trop grandes, des informations importantes peuvent disparaître ou être détectées à des endroits incorrects par le fait d'un filtrage trop prononcé**. Il n'est donc pas forcément bon de considérer la segmentation et la détection de caractéristiques qui en découle qu'à une seule échelle.

Ainsi, l'analyse multi-échelles, utilisée au départ pour la décomposition multi-résolutions dans le cadre de la compression des images, s'avère désormais particulièrement utile lorsque l'on cherche par exemple à extraire des vaisseaux ou d'autres structures anatomiques indépendamment de leur

⁶⁹ L'ouvrage cité dans la bibliographie à la référence [Ouv13] introduit bien ce thème.

⁷⁰ Voir [Pub 9].

taille. Nous conseillons aux lecteurs de consulter un excellent cours⁷¹ sur le sujet écrit par B.M. TER HAAR ROMENY.

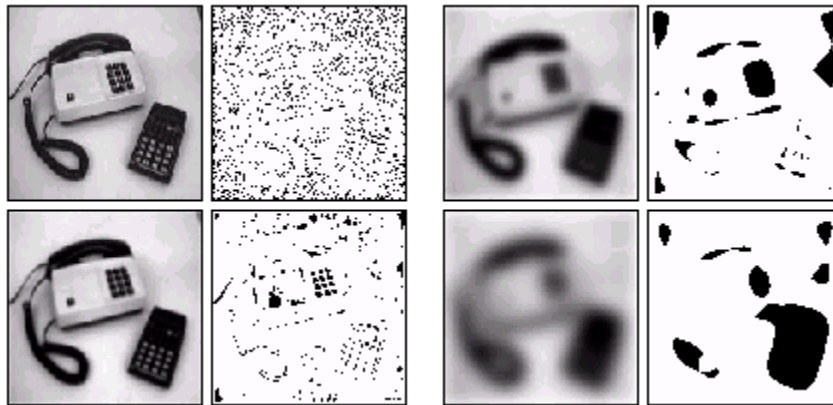


Figure 2.10 - Différents niveaux (0, 2, 32 et 128) dans la représentation multi-échelle d'une image 2D avec "taches" de niveaux de gris indiquant les minima locaux à chaque échelle ([Pub30]).

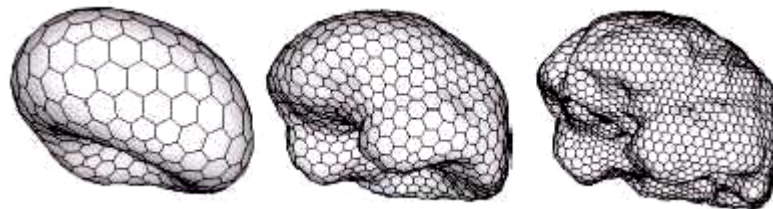


Figure 2.11 - Segmentation du cortex par une approche multi-échelles ([Ouv16]).

2.2.5.1.2.3 Opérateurs différentiels

On a déjà évoqué que l'on peut utiliser des opérateurs différentiels dans les images 3D pour caractériser des points, des lignes, ou des surfaces singulières. Par exemple, on a évoqué que les **contours** peuvent être **définis comme le lieu des points où la norme du gradient de l'intensité lumineuse est localement maximale dans la direction du gradient**. Les surfaces ainsi définies correspondent qualitativement aux points de fort contraste d'intensité, et peuvent aider à délimiter certaines structures anatomiques ou pathologiques.

Des opérateurs différentiels plus complexes permettent de calculer localement des lignes de crêtes sur des surfaces d'iso-intensité. Les lignes de crêtes sont des extrémalités de la courbure principale maximale, et **correspondent intuitivement aux endroits où la surface est la plus courbée**. Les lignes de crêtes peuvent être définies de manière implicite à l'intersection de deux iso-surfaces et extraites par l'algorithme des "Marching Lines" très efficacement, ainsi que l'ont montré THIRION et GOURDON dans [Pub13].

2.2.5.2 Coregistration d'images

Jusqu'à présent, l'imagerie médicale a pas mal travaillé au stade de l'analyse et de la description des images. Mais désormais, elle s'investit de plus en plus dans une phase ultérieure de plus haut niveau du traitement d'images - la **coregistration**⁷² - née du besoin de tirer profit de la diversité des informations disponibles disséminées sur plusieurs images d'une même partie du corps, qui soient éventuellement de multiples modalités⁷³ ou/et acquises à des périodes ou

⁷¹ Nous vous renvoyons pour cela à la référence [Pub10].

⁷² Signalons que l'on retrouve, dans la littérature avertie, plusieurs dénominations plus ou moins équivalentes pour cette phase de *processing* d'images : *matching* et *registration* en anglais, ainsi que *coregistration*, *recalage*, et *appariement* en français. Néanmoins, nous utiliserons le plus souvent les vocables "coregistration" et "recalage".

⁷³ Rappelons que, dans le jargon de l'imagerie médicale, on peut assimiler une modalité à une technique particulière d'acquisition d'images.

moments distincts... donc de la nécessité de leur exploitation concomitante.

Pour certains examens cliniques, il est vrai qu'une seule modalité spécifiquement adaptée pourvoit parfois à l'obtention de toutes les informations suffisantes au diagnostic et/ou à la planification du traitement. Cependant, il subsiste bien d'autres circonstances où l'emploi d'une unique modalité ne suffit pas⁷⁴. Ainsi, après production des différentes images renfermant les informations complémentaires souhaitées par le praticien, il s'avère capital pour lui d'apparier ces images et d'étudier leurs différences : cela lui permettra par exemple de repérer l'existence d'une tumeur ou la présence d'une hémorragie interne.

Ce stade postérieur à l'analyse proprement dite des images va donc jusqu'à rechercher comment l'ordinateur peut effectuer de façon la plus automatique possible une comparaison, une superposition, voire mieux encore, une fusion de ces images en une seule pleine de sens. Remarquons que sa mise en œuvre demeure de nos jours l'objet d'un nombre véritablement impressionnant de publications abordant aussi bien ses aspects théoriques que la pratique médicale courante.

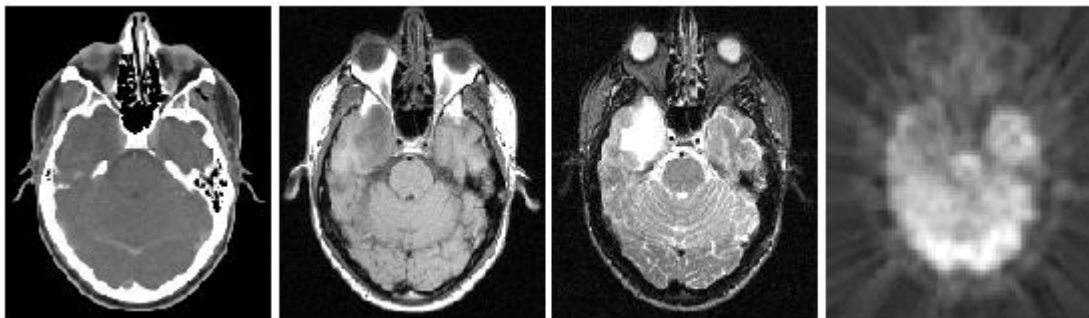


Figure 2.12 – Coupes correspondantes coregistrées provenant d'images de différentes modalités d'un même patient. De gauche à droite : images scanner, IRM T1, IRM T2, et SPECT ([Ouv16]).

Soulignons aussi qu'il est primordial de repérer la **nuance entre les termes *recalage* et *fusion***. On pourrait imaginer que "*fusion*" désigne exactement la même réalité que "*recalage*", mais en fait cela en symbolise une **étape ultérieure**. En effet, **l'intégration de différentes images comporte deux étapes : leur *coregistration*, où les images sont amenées en accord spatial, et leur *fusion* en une seule image simultanée, où l'information des images initiales est exposée de façon intégrée**⁷⁵.

Enfin, à ce niveau dans le mémoire, on peut affirmer que *la coregistration de deux images consiste en gros à déterminer une transformation mettant en correspondance des objets de ces images qui auront été décrits, voire même identifiés précisément, dans une étape préalable de **description de formes***⁷⁶ et à l'appliquer sur l'une des deux images. Elle permet donc :

- de repérer les modifications dans des images prises sous des conditions ou à des instants différents;
- de déduire des informations concernant des parties du corps se déformant parfois ou continuellement comme le thorax;
- et finalement, de reconnaître des objets sur base de modèles standards.

Les trois grandes classes de coregistration

On répertorie et distingue habituellement plusieurs "*styles*" de coregistration. Ainsi, on retrouve dans les articles de sommités en la matière les termes de "*coregistration monomodale*" ou de

⁷⁴ Un exemple sans équivoque : une image anatomique peut s'avérer essentielle, voire primordiale, pour "*déchiffrer*" une image fonctionnelle d'un patient.

⁷⁵ Nous verrons que cette fusion se réalise plutôt dans l'étape suivante de visualisation.

⁷⁶ Cette étape sera abordée par après au chapitre 3.

"coregistration multimodalités" suivant respectivement que l'on apparie des images de même ou de différentes modalités. Similairement, on parle de **"coregistration intrasujet"** quand les images sont spécifiques à un seul patient et de **"coregistration intersujets"** lorsqu'elles proviennent d'individus distincts.

Si on se limite aux situations n'impliquant que des images dont les dimensions sont identiques, on peut isoler, comme suggéré ci-dessous, **trois classes de problèmes** selon le type d'images impliquées⁷⁷.

Le recalage intrasujet et monomodalité⁷⁸.

Cette classe de méthodes de recalage correspond aux *situations où l'on fait intervenir des données d'une même personne issues, soit de plusieurs acquisitions largement séparées dans le temps, soit d'acquisitions "dynamiques"*. Il est ainsi possible

- **d'observer la progression d'une maladie**, d'une pathologie, **d'étudier les répercussions d'une thérapeutique**, d'assurer le suivi de l'évolution de tumeurs, lésions, ou fractures, ainsi que de considérer les changements éventuels de comportement fonctionnel grâce au traitement d'images anatomiques ou fonctionnelles prises à différents moments;
- **de contrôler des opérations chirurgicales** : il s'agit de **comparer deux images acquises avant et après une intervention**, afin de vérifier a posteriori si les résultats escomptés ont été atteints;
- **et de compenser également les écarts de positionnement, dues aux mouvements du patient, lors d'une séquence dynamique d'acquisition de plusieurs images** ou suite à un remplacement relativement imprécis du sujet entre deux sessions d'acquisition... afin de permettre un traitement statistique efficace de ces images.

Le recalage intrasujet, multimodalités⁷⁹.

Le *but* de la coregistration de données multimodales d'un patient est **d'associer ou d'intégrer des types distincts d'information afin de garantir la plus totale compréhension de ses fonctions et structures**. Les applications sont nombreuses et du plus haut intérêt médical :

- **La fusion d'images anatomiques complémentaires, afin de distinguer simultanément les structures anatomiques visibles dans une modalité mais pas dans l'autre**. Ainsi, la "fusion" d'une image IRM anatomique, idéale pour visualiser les tissus mous, et d'un scanner X, imageant parfaitement les os, offre une image au contenu informatif plus élevé que chacune des deux modalités considérées séparément.
- **La concordance anatomique/fonctionnelle** : il s'agit d'**améliorer l'interprétation des images fonctionnelles généralement pauvres sur le plan anatomique, en leur coregistrant des images anatomiques du même patient**. Les cas les plus fréquents sont les recalages TEP – IRM, TEMP – IRM et IRMa – IRMf⁸⁰. Cette corrélation constitue un progrès notoire dans le traitement de cancers. En effet, afin d'établir la gravité de la maladie, le médecin se doit de connaître l'étendue "anatomique" des tissus cancéreux impliqués. Or, les modalités anatomiques sont assez insensibles à ces tissus. Par contre, les fonctionnelles mettent en évidence l'indice de leur présence : les zones de haute synthèse de protéines. La solution est toute trouvée : il suffit de combiner ces images de différentes modalités.
- **La corrélation de diverses modalités fonctionnelles** : les projets de cartographie fonctionnelle

⁷⁷ En vérité, on peut aussi leur adjoindre une quatrième classe regroupant les problèmes de mise en correspondance d'une image tridimensionnelle d'un patient avec une ou plusieurs images bidimensionnelles du même sujet, correspondant à des coupes ou des projections acquises par exemple par radiographie conventionnelle.

⁷⁸ C-à-d un sujet et une seule modalité.

⁷⁹ I.e un sujet et plusieurs modalités.

⁸⁰ Pour mémoire, *IRMa* et *IRMf* sont respectivement les acronymes d'*IRM anatomique* et *fonctionnelle*.

du cerveau nécessitent aujourd'hui le recalage de données fonctionnelles acquises sous différentes modalités, le lien étant le plus souvent réalisé par l'intermédiaire d'une modalité anatomique.

- **La préparation d'une opération chirurgicale ou une radiothérapie** : il faut absolument déterminer parfaitement la lésion à traiter et aussi comprendre la relation existant entre cette lésion et les structures adjacentes. Toute erreur à ce niveau peut au pire signifier la mort du patient suite à l'endommagement irréversible de tissus ou d'organes vulnérables. Dans l'élaboration de traitements complexes, l'emploi de plusieurs modalités est courant et il peut être difficile de mettre en relation les différentes caractéristiques observables. La coregistration va permettre d'interpréter les images dans un système unique de coordonnées et ainsi de visualiser toutes les informations pertinentes simultanément.

Le recalage intersujets⁸¹.

Les **buts** de la coregistration intersujets sont plutôt **variés**. Ainsi, elle peut servir d'**outil pour classer ainsi que quantifier les variétés anatomiques et fonctionnelles présentes au sein de l'espèce humaine**. On en arrive alors à élaborer des **modèles de références universels** que l'on nomme "*atlas*". Leur réalisation se révèle assez complexe car elle revient à établir un **modèle standard de toute une population, ne se heurtant pas lors de son usage aux inéluctables variations entre patients**. C'est pourquoi leur développement actuel s'est surtout focalisé sur le cerveau, un organe montrant habituellement beaucoup moins de divergences importantes d'un individu à un autre. Cette approche, intensivement développée pour moyenniser des données interindividuelles, spécialement dans des certaines études visant à réaliser une cartographie fonctionnelle du cerveau, soulève néanmoins certaines polémiques car ses conséquences sont largement dépendantes des phénomènes étudiés. En effet, du fait de l'importante variabilité interindividuelle ne permettant qu'un recalage relativement grossier avec un atlas, et du manque de connaissance sur les liens anatomiques/fonctionnels, elle paraît parfois plutôt hasardeuse lorsque l'on s'intéresse, comme en IRMf, à des fonctions du cerveau relativement localisées. En outre, le nombre peu élevé de sujets impliqués dans ces études peut amener à se poser des questions sur la fiabilité des traitements statistiques qui en découlent⁸².

D'autres exemples sont la **détection de cas pathologiques par comparaison avec un groupe d'individus sains**, ou encore une meilleure compréhension des différences fonctionnelles entre individus une fois les divergences anatomiques repérées. Dans ces derniers cas, une **solution** possible consiste à **déformer les images acquises pour les faire correspondre, les coregistrer avec un atlas standard existant**⁸³. On parle alors de **recalage modalité à modèle** ou **patient à atlas**.

⁸¹ C-à-d plusieurs sujets, et une ou plusieurs modalités.

⁸² Des collaborations internationales de grand ampleur ont été lancées pour améliorer ce point !

⁸³ Un tel atlas constitue donc une base de données de régions spécifiques servant à l'analyse des données de patients.

Visualisation d'images coregistrées

Nous disposons, avec la coregistration, de méthodes permettant de réaligner des images médicales. **Il reste finalement à dénicher des techniques exploitant le résultat délivré par le recalage, les images réalignées, de la meilleure façon qu'il soit afin de restreindre ou mieux même, d'éviter tout effort de coregistration mentale de l'utilisateur.** Les techniques de visualisation d'images coregistrées sont chargées de cette tâche importante.

La visualisation de deux images coregistrées se doit de vérifier que l'information comprise dans une des images vienne enrichir et non pas affaiblir l'information contenue dans l'autre et vice-versa. L'information complémentaire provenant de l'autre image ne doit donc pratiquement pas perturber l'information de la première image.

Il existe principalement **deux familles majeures** de techniques de visualisation : **la première repose sur une vision simultanée des deux images l'une à côté de l'autre**, ce qu'on appelle communément le *Parallel Display*, et la **seconde, se base sur la superposition d'images**.

Dans le cas des techniques fondées sur le **principe du *Parallel Display***, la visualisation des deux images coregistrées ne donne qu'une **correspondance spatiale partielle entre les deux images** car elle les montre conjointement plan par plan. Le travail de la coregistration semble alors amoindri. Ces techniques ont le bénéfice de ne pas du tout perturber l'information propre à chaque image.

A côté de cela, des techniques de visualisation se basent sur la **superposition⁸⁴ d'images**. **Ces techniques tendent malheureusement à modifier quelque peu les images de départ.** Effectivement, lorsque l'on superpose les deux images, on introduit des couleurs ou des pixels supplémentaires à l'une des deux images initiales. Lorsqu'il s'agit de pixels introduits, on comprend volontiers qu'il y ait métamorphose de l'image car la texture de cette dernière a changé. Dans le cas où l'on touche aux couleurs d'une image, on ne modifie pas obligatoirement sa morphologie. Mais il faut bien réaliser que la variation de couleurs de certains pixels de l'image de départ entraînera automatiquement une altération de notre perception de cette image par rapport à celle que l'on en avait préalablement : changer la couleur de quelques pixels aura effectivement pour répercussion de transformer la perception de ceux avoisinants. Notre œil aura alors tendance à se focaliser plus volontiers sur des zones de couleurs particulières, modifiant ainsi notre perception antérieure de cette image.

D'autres classifications de techniques de visualisation se rencontrent dans la littérature. Un exemple parmi d'autres : STOKKING catégorise les différentes méthodes de visualisation d'images coregistrées selon qu'elles soient sélectives ou non, étant entendu **qu'une méthode sélective exige une participation active de l'utilisateur pour concevoir les images de visualisation** et qu'au contraire une méthode non sélective ne sollicite pas ce dernier.

Chaque technique de visualisation dispose donc de ses propres qualités et défauts. Cela dépend du domaine d'application. Il conviendra alors au praticien d'en adopter une selon la nécessité.

Signalons enfin, avant de fournir quelques précisions sur le *Parallel Display* et la superposition d'images, qu'historiquement la visualisation des images volumiques a été l'un des sujets de recherche les plus actifs dans le domaine du traitement informatique des images médicales 3D. Plusieurs états de l'art sur le sujet ont été écrits, notamment par HERMAN⁸⁵ et HOEHNE⁸⁶. On peut les compléter par une revue des principaux algorithmes et systèmes de visualisation publiés par STYTZ et ses collègues dans [Pub22].

⁸⁴ On dit aussi fusion d'images.

⁸⁵ Voir l'article [Pub23].

⁸⁶ Cf. la publication [Pub24].

2.2.5.2.1 Le Parallel Display

Le *Parallel Display Simple* affiche naturellement deux images l'une à côté de l'autre. Les deux images réalignées correspondent à la même coupe et sont présentées dans deux fenêtres adjacentes. On fait concorder les deux images par le simple fait qu'elles soient attenantes. La correspondance se réalise uniquement au niveau des coupes. En effet, c'est le médecin qui effectue mentalement la correspondance spatiale entre des points des deux images. En conséquence, cette technique demande de la part de l'utilisateur un petit effort de coregistration mentale et ne rapporte pas beaucoup plus que l'emploi du négatoscope.

L'avantage essentiel de cette méthode réside dans le fait qu'il n'y a à déplorer **aucune perte d'information spécifique à une image, vu qu'aucune des deux n'est modifiée au cours de la visualisation**. Le contenu informationnel caractéristique à chaque image est préservé. L'inconvénient majeur est qu'il n'est vraiment pas évident pour l'utilisateur de faire coïncider les points des deux images visualisées.

Des variantes du *Parallel Display Simple* comme le *Parallel display with link cursor* ou le *Parallel Display avec mélange de parties d'images* présentent quelques améliorations mais celles-ci ne sont pas extraordinaires.

Le *Parallel Display with link cursor*, technique non-sélective, se différencie par l'utilisation de curseurs coopératifs, présents sur chaque image, qui pointent sur les mêmes coordonnées et se déplacent simultanément dans la même direction. L'effort de coregistration mentale de la part de l'utilisateur paraît beaucoup moindre par rapport au *Parallel Display Simple* mais il provoque encore quelques erreurs de jugement. Remarquez que, très souvent, les fenêtres de logiciels de visualisation d'images coregistrées sont pourvues de ce mécanisme de curseurs coopératifs. Il arrive pourtant occasionnellement que l'on utilise plutôt une barre qui relie les points correspondants des deux images.

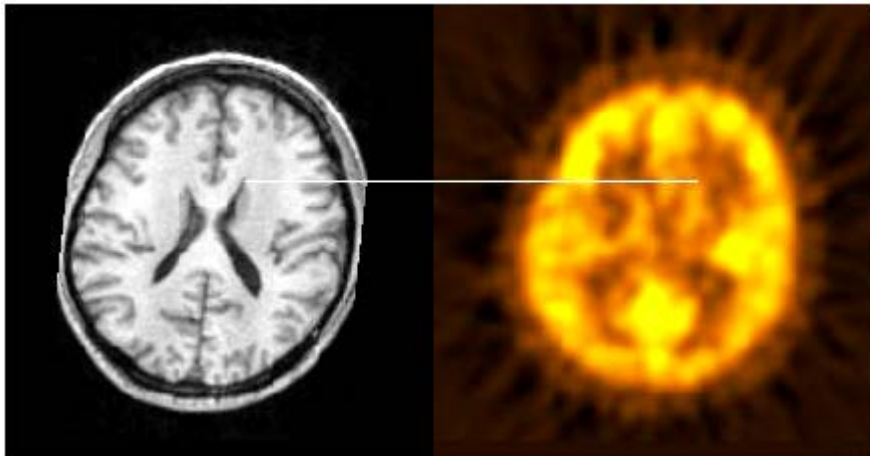


Figure 2.13 - Visualisation "Parallel Display with link cursor" (version avec "barre") de deux images coregistrées du cerveau ([Web25]).

Le *Parallel Display avec mélange de partie d'images* consiste, après sélection d'une zone sur une des deux images⁸⁷, à la placer à l'endroit adéquat sur l'autre image. Cette technique demande moins de travail mental de coregistration et a le mérite de proposer à l'utilisateur de sélectionner une région d'intérêt. Seule l'information intéressante serait plaquée sur l'image de juxtaposition. Toutefois, l'information spécifique aux images initiales n'est pas totalement préservée puisque le plaquage d'objets sur des zones de l'autre image effacent l'information qui s'y trouvait dessous.

⁸⁷ Elle est donc clairement sélective.

2.2.5.2.2 Visualisation par superposition d'images

Ces techniques se différencient surtout du *Parallel Display* par le fait **qu'elles ne requièrent plus du tout de la part de leur utilisateur de procurer des efforts de coregistration mentale afin d'évaluer les concordances entre les deux images originelles**. Nous en présentons trois mais il en existe beaucoup d'autres.

La technique basée sur la soustraction d'images

Cette technique de visualisation, presque toujours monomodale, se révèle fort utile pour la comparaison d'images avec des atlas anatomiques (ou fonctionnels) standard ou pour confronter plusieurs images d'un même patient prises à des intervalles de temps bien séparés. Son principe est le suivant : **elle recueille les valeurs adjointes à chaque point d'une des deux images considérées et ensuite, elle les soustrait de la seconde**⁸⁸. Clairement, en appliquant ce principe sur une image et son clone, on produit une image uniforme d'une et d'une seule couleur. Par contre, lorsque l'on applique cette technique sur des images d'un même patient espacées dans le temps, elle peut se révéler fort intéressante... à un certain niveau ! Hé oui, son **unique objectif** est de **souligner les différences entre deux images**.

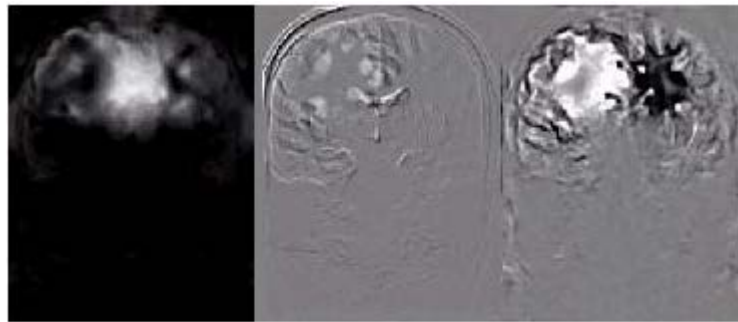


Figure 2.14 - Soustraction de l'image gauche de celle du centre pour souligner les effets de déformation ([Pub31]).

En dehors de celui-ci, elle n'offre aucun résultat. Ainsi, l'examen successif de plusieurs images d'une tumeur d'un patient, prises à des moments différents, ne permet pas a priori d'apprécier son évolution avec suffisamment de certitudes... alors que les images obtenues en soustrayant la plus ancienne des plus récentes renseignent parfaitement le médecin traitant sur sa stabilité ou sa progression au cours du temps.

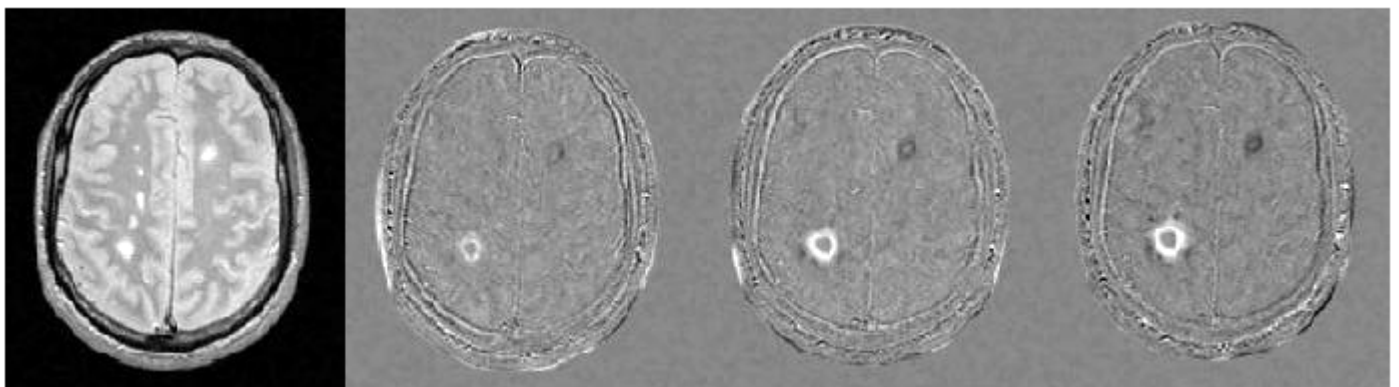


Figure 2.15 - Différence des images après recalage, par rapport à la première. L'intensité est multipliée par cinq et recentrée de sorte que l'absence de différences corresponde au gris. Les lésions croissantes apparaissent comme des disques blancs et les lésions régressives comme un disque noir ([Ouv19]).

En conclusion, les images générées par cette technique non sélective sont purement **des images**

⁸⁸ Prérequis absolument nécessaire : afin d'obtenir des résultats acceptables, il faut que le nombre maximum de valeurs que l'on puisse associer aux points de chaque image soit identique.

de comparaison où l'information propre aux images originales est modifiée, non conservée. On peut donc la qualifier de **technique, non pas de présentation d'informations, mais de production d'informations.**

Il en existe des variantes qui appliquent d'autres opérations arithmétiques que la soustraction. Dans ce cas, les images générées ne sont plus évidemment des images de comparaison par soustraction mais par addition, multiplication, etc.

La technique basée sur l'effet de transparence

L'idée de cette technique est de conférer un effet de transparence à une des deux images⁸⁹. Celle-ci est alors superposée à l'autre image. Le résultat permet alors à l'utilisateur de percevoir intuitivement la disposition des objets des deux images originales dans celle de superposition.

Cette dernière est en fait générée en effectuant une combinaison linéaire des valeurs associées à chaque point correspondant des deux images originales. Ainsi, soient *img_référence*, *img_appariée*, et *img_fusionnée*, les valeurs associées respectivement aux points de l'image de référence, de l'image appariée et de celle de superposition, alors on a :

$$Img_fusionnée = \alpha \cdot img_référence + (1 - \alpha) \cdot img_appariée \quad \text{où } \alpha \in]0,1[\subset \mathbb{R}$$

où le caractère α , appelé *coefficient d'opacité*, détermine le *taux de transparence* appliqué à l'image de référence.

La technique RGB Color Encoding

Cette technique sélective se fonde sur la méthode de codage des couleurs RGB (Red, Green, Blue). Elle utilise les composantes RGB des deux images originales pour générer celle de superposition : cette dernière provient de la fusion des deux images issues chacune du mariage de deux couleurs primaires (parmi les trois) de leur image d'origine. Ce mariage pourrait par exemple être constitué de la composante verte de la première image ainsi que de 0,4 fois la composante bleue de la seconde. Il est impératif de sélectionner de façon pertinente les palettes de couleurs des images originelles. Car, dans le cas contraire, il se peut que les résultats soient assez décevants.

Cette technique peut aboutir malencontreusement à des erreurs d'interprétation. L'explication en est toute simple : la palette de couleurs résultantes n'est pas vraiment très orthodoxe et familière en imagerie médicale. Or, les praticiens chargés de l'interprétation de ces images sont habitués à employer des palettes de couleurs types assorties aux divers genres d'images qu'ils doivent visualiser. Par conséquent, l'utilisation d'un autre type de palette de couleurs n'a pas la même portée et, en fin de compte, ne met pas en avant les mêmes choses.

De même, cette technique ne prémunit pas l'information particulière à chaque image d'origine vu que celles-ci ne sont pas intégralement représentées et même légèrement modifiées dans l'image résultant de la superposition.

2.2.5.2.3 Quelques commentaires sur les techniques de visualisation basées sur la superposition

L'atout essentiel des techniques de visualisation par superposition d'images est que l'utilisateur, en scrutant l'image de superposition, perçoit intuitivement la mise en correspondance des objets des deux images originelles dans l'image de superposition. Malheureusement, cela se fait **au détriment de la conservation de l'information spécifique aux images de départ.**

⁸⁹ Attention : cette technique ne s'adapte pas à tous les types d'images.

Les inconvénients ? Il y en a quelques-uns. Le premier : ces techniques ne permettent pas l'utilisation de deux échelles de couleurs distinctes dans l'image de superposition, l'une caractérisant les informations provenant de la première image et l'autre celles provenant de la seconde. Cela explique la relative difficulté de discerner intuitivement l'origine de certains objets dans l'image née de la superposition.

Un autre n'est pas à négliger : les techniques de superposition placent toute l'information d'une image sur l'autre image. Or, le médecin n'est souvent intéressé que par quelques zones d'intérêt sur ces images pour fonder son diagnostic. Pour réduire la perte de l'information spécifique à chaque image, la solution pourrait consister en une technique de visualisation par superposition qui ne juxtaposerait que les zones d'intérêt sur l'autre image.

Finalement, signalons qu'il existe d'autres techniques fort intéressantes comme le "*Hue and Lightness Encoding*" ou le "*Interleaved Pixels With Independent Color Scale*"⁹⁰. Néanmoins, nous n'en débattons pas ici. Pour plus de renseignements sur ces diverses techniques et sur celles que nous avons introduites, nous vous renvoyons à l'excellent travail de François Vandermeersch, intitulé "*Présentation multimodale en imagerie médicale*" (cf. [Ouv11]).

Nous parlerons plus en détails de la coregistration au sein du chapitre suivant de ce travail. Nous en fournirons une définition plus explicite, ainsi qu'une description de ses différentes étapes de réalisation. Nous nous focaliserons ensuite tout spécialement sur les quatre éléments qui constituent presque toujours chacune de ses méthodes. Enfin, nous présenterons brièvement plusieurs approches de classification des techniques de recalage.

2.2.6 Interprétation

Pour terminer ce chapitre, nous allons préciser ce que l'on sous-entend par **interprétation de l'image**. Cette dernière consiste bien entendu à **faire parler l'image**, à **retirer toute sa sémantique par tous les moyens imaginables**. Cette tâche **ne se résume pas uniquement à celle réalisée mentalement par le médecin** radiologue ou nucléariste qui a été et qui reste continuellement formé pour cela. Depuis peu, cela signifie **aussi déchiffrer, comprendre l'image, en exploitant l'ensemble des connaissances recueillies et enregistrées sur le domaine d'application, en s'affranchissant au maximum des capacités visuelles de l'opérateur humain**. L'ordinateur acquiert ainsi une dimension supérieure non négligeable en devenant capable de **reconnaissance, sans supervision extérieure**, de différentes parties de l'image, c'est pourquoi certains auteurs parlent à ce niveau de "*Computer Vision*"⁹¹.

Cette reproduction du sens humain de la vue combine les techniques de l'**intelligence artificielle**, de la **reconnaissance de formes** et du traitement d'images pour aboutir à des schémas de représentation des connaissances, comme des réseaux neuronaux, des graphes ou des arbres⁹². **L'ordinateur peut effectuer de différentes manières son apprentissage de la reconnaissance... avant de passer à une phase d'exploitation des savoirs et compétences acquis**. Soit il évalue un par un dans un ensemble d'apprentissage les exemples fournis et résolus par un médecin émérite et chevronné, et détermine alors lui-même ses **propres statistiques**⁹³, soit il obtient d'emblée les chiffres statistiques calculés par un tel expert. En vérité, **quelle que soit la méthode**⁹⁴, **ces chiffres sont ensuite convertis sous la forme de règles de reconnaissance permettant à la machine de prendre**

⁹⁰ Technique d'intercalage de pixels avec échelles de couleurs indépendantes.

⁹¹ Clairement, la "*Computer Vision*" n'ambitionne pas directement une reproduction sur machine des mécanismes de la vision humaine mais vise plutôt à développer les bases théoriques et les algorithmes par lesquels, à partir d'une image, d'un ensemble ou d'une séquence d'images, une information utile peut être automatiquement extraite et analysée par l'ordinateur; ce qui permet d'arriver à des résultats assez proches.

⁹² Dans le cas d'un arbre, chacun de ses nœuds est établi par recoupements successifs à partir d'une ou plusieurs caractéristiques; ce qui permet à terme d'obtenir une discrimination nette et manifeste entre groupes parmi les classes à identifier.

⁹³ Ce qui représente bien souvent la méthode employée.

⁹⁴ Il apparaît en fait que les meilleurs résultats sont ceux obtenus à partir de méthodes hybrides qui intègrent ces deux approches à travers des estimations de probabilités faisant à la fois intervenir un contenu d'expertise et des statistiques de l'ensemble d'apprentissage.

seule en charge l'image qui lui est proposée.

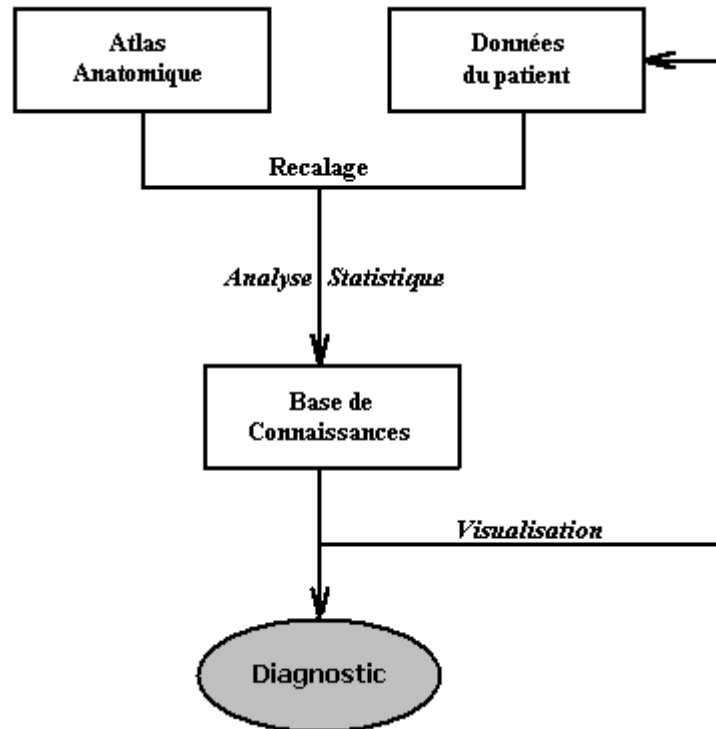


Figure 2.16 - Les données d'un atlas anatomique permettent, après recalage avec celles des images du patient, d'effectuer une analyse statistique. Le système expert se fonde alors sur ceux-ci pour proposer ensuite automatiquement un diagnostic. De surcroît, les structures biologiques pathologiques peuvent aussi être mises en évidence lors de la visualisation ([Ouv16]).

Signalons tout de même que l'**informatique médicale** semble **encore balbutiante dans ce domaine**, mais ce n'est **probablement qu'une question de temps...** Car des systèmes experts équivalents rencontrés dans le cadre d'autres applications très complexes procurent assez bien de satisfactions et réussites.

Chapitre 3

La coregistration d'images médicales

Parmi la palette d'outils du médecin moderne, l'imagerie médicale numérique dispose d'une place de choix. Assurément, les deux dernières décades sont les témoins de la **prolifération de nouvelles modalités d'acquisition d'images médicales** comme le Scanner X, l'IRM, l'angiographie numérique, la TEMP, et la TEP¹ (voire même aujourd'hui comme la MEG ou l'EEG), qui offrent un **vaste panel d'informations anatomiques** (c-à-d structurelles) **et physiologiques** (c-à-d fonctionnelles) sur un même sujet. En proposant de visualiser ce qui n'est normalement pas visible (organes, activités fonctionnelles, mouvements cardiaques), les **images médicales produites, tant sur le plan du diagnostic** (détection d'une tumeur) **que sur celui de la thérapeutique**, deviennent incontournables.

Malheureusement, cette augmentation d'informations disponibles se traduit bien évidemment par un **accroissement équivalent de la quantité de données que l'utilisateur doit intégrer et interpréter**. Ce qui constitue un problème. En effet, les protocoles diagnostiques traditionnels n'ont pas suivi la même progression et se révèlent souvent inadaptés à l'utilisation conjointe de cet ensemble d'informations. Ainsi, la manière classique dont le médecin utilise les données contenues dans ces images est trop souvent loin de se montrer optimale et un nombre important d'informations complémentaires se trouve alors exclu du processus de décision clinique.

Pour modifier cette tendance, le médecin doit posséder non seulement les images sources mais également les outils pour les interpréter. Car il faut bien se dire que le mécanisme de compréhension des images reste très complexe et donc, qu'il porte non seulement sur une comparaison entre ces images mais aussi sur la connaissance des organes représentés et de leurs interactions, que ces dernières soient de nature anatomiques ou fonctionnelles. Dès lors, **on convient aujourd'hui qu'en dehors de l'émergence de nouvelles modalités, c'est en particulier l'apparition de techniques permettant l'utilisation conjointe de toutes les informations, qui fera avancer la qualité de prise en charge du patient**. Et c'est là qu'intervient la *coregistration*.

3.1 Définition de la coregistration et domaines d'application

La *coregistration* (ou le *recalage*) d'images, rencontrée dans la littérature anglosaxonne sous le nom de *registration*, fait référence à la procédure centrale en analyse d'images² ayant pour but de **trouver une transformation spatiale reliant deux ou plusieurs images**. Autrement dit, son *objectif* revient à **situer les images dans un même repère géométrique**. C'est un domaine de recherche aux multiples applications... impliquant un vaste nombre de techniques d'imagerie numérique. Cette multiplicité provient essentiellement de la *notion* assez commune de *lien entre images* : **les méthodes de coregistration interviennent en fait à chaque fois qu'une correspondance spatiale entre images est requise**.

Le **champ d'application le plus important** au regard du nombre de publications est bien sûr celui de **l'imagerie médicale**, mais cette problématique est également **liée à celle de la mise en correspondance³ d'objets**, puisqu'il est généralement question de **trouver des caractéristiques, communes aux deux images, et invariantes par rapport au type de transformation recherchée, afin d'estimer la transformation qui les sépare**.

¹ On peut remarquer que ces modalités sont *tridimensionnelles*.

² Pas uniquement médicales.

³ Comme on l'a déjà souligné, on dit aussi *appariement* ou *alignement* (*matching* en anglais).

Finalement, le recalage peut aussi se placer dans le domaine beaucoup plus général de **la recherche de similarités entre images**, c-à-d d'opérateurs qui permettent, sous certaines conditions généralement assez restrictives, de définir une "**distance**" entre images. Nous pouvons par conséquent proposer quelques domaines différents d'applications : à côté de **l'imagerie médicale**, nous avons également

1. **La reconnaissance d'objets** : Etant donné un modèle d'un objet, l'objectif consiste ici à déterminer s'il est présent ou non dans une scène réelle, et si c'est le cas, d'estimer sa position et son orientation.
2. **Le suivi de cible** : Dans une séquence d'images, on cherche à connaître les positions successives d'un (ou plusieurs) objet(s). Ce **domaine d'application** peut être **rapproché de l'analyse d'images médicales temporelles**, comme par exemple le suivi des mouvements cardiaques
3. Ou encore **l'indexation par le contenu**⁴ : On désigne par ce terme la **recherche automatique d'information dans des grandes bases de données d'images en utilisant les caractéristiques propres des images et non pas des méta-informations**⁵. Cette notion englobe également l'apprentissage à partir d'images. La principale difficulté provient ici de l'absence de critère générique pour comparer les images, et donc de la **nécessité de combiner différents caractères descriptifs**. **La formulation de requêtes pose également des problèmes** : le plus fréquemment, l'objectif est de proposer à l'utilisateur un ensemble d'images similaires à une image de référence qu'il choisit. Les correspondances s'effectuent alors souvent à partir de critères de texture, de couleur ou encore différentiels.

3.2 Coregistration dans le cas de l'imagerie médicale

Le problème de la **coregistration** en imagerie médicale demeure le **"centre de gravité" des systèmes d'aide à l'interprétation d'images médicales**, qu'elles soient morphologiques ou fonctionnelles. Il permet, rappelons-le, d'analyser des images et de corriger les différences qu'il peut y avoir d'une image à l'autre, indépendamment du phénomène que l'on veut mettre en évidence⁶.

De manière générale, on peut donc le définir en affirmant qu'il **consiste à mettre en correspondance deux (ou plusieurs) images différentes de manière à ce que les coordonnées d'un même point physique soient identiques dans ces diverses images, et cela afin d'utiliser simultanément les informations que ces images contiennent**. Un recalage peut alors s'effectuer entre des images de même modalité ou de modalités différentes.

Une fois que les deux images sont "**alignées**", elles peuvent ensuite être comparées de **manière visuelle ou au moyen d'images "paramétriques" générées, les plus élémentaires étant des images de soustraction**. Pour rappel, la visualisation peut se faire côte à côte (*Parallel Display*) ou les deux images peuvent être superposées grâce à des palettes de couleurs adéquates. Dans ce dernier cas, on parle alors de *fusion d'images*⁷ et ⁸.

⁴ Ou le *CBIR* qui est l'acronyme de l'expression anglaise "*Content-Based Image Retrieval*".

⁵ Descriptions externes à l'image fournies par un opérateur et provenant d'une indexation préalable. Un exemple simple serait la date de création de l'image et son auteur.

⁶ Nous verrons par après que ces *différences, liées entre autres aux instabilités de la technique d'acquisition de ces images ainsi qu'aux mouvements du patient durant la mesure*, peuvent être automatiquement compensées par des techniques de transformation complexe associant homothéties, translations, rotations, et torsions, fondées sur l'optimisation d'un critère de similitude entre les images que l'on cherche à recalage.

⁷ Les notions de *fusion* et de *recalage* d'images (respectivement "*fusion*" et "*registration*" en anglais) se superposent voire se confondent assez souvent dans la littérature. Il paraît important ici de rappeler de *bien dissocier ces deux concepts*. La notion de recalage est associée à la définition d'une correspondance point à point entre les coordonnées d'un point dans un espace à celle d'un autre point dans un autre espace, cette correspondance n'étant pas tenue d'être une bijection. La fusion, quant à elle, n'est qu'une étape facultative ultérieure au recalage.

⁸ La *fusion d'images* apparaît aujourd'hui comme un *outil indispensable à une meilleure observation des données traitées ou recueillies* au service des différentes étapes du processus d'aide à l'interprétation.

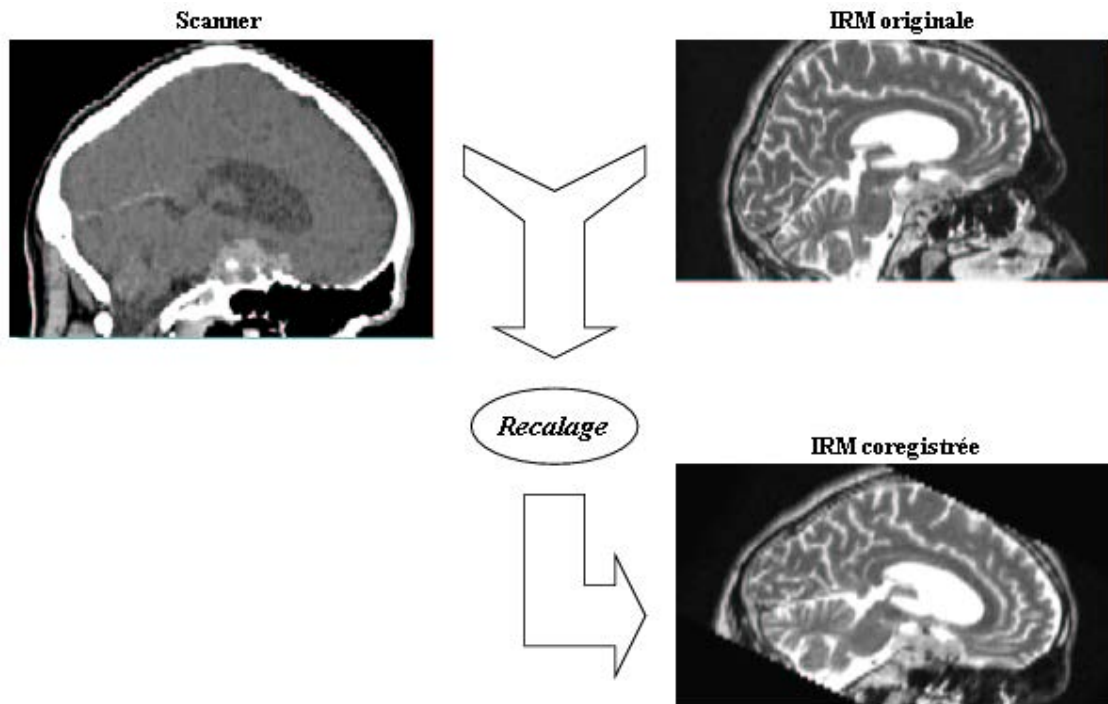


Figure 3.1 - Illustration de la coregistration ([Ouv25]).

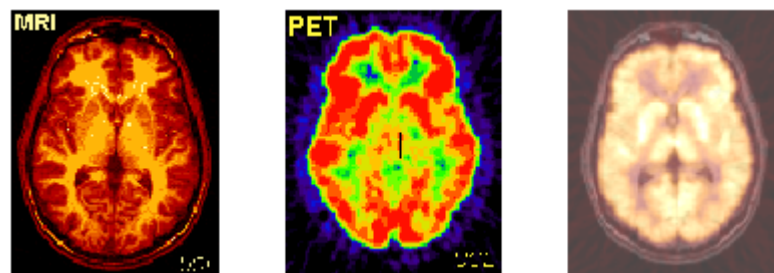


Figure 3.2 - Les deux premières images, l'une IRM et l'autre TEP, sont coregistrées... et donnent une troisième image "recomposée" ([Pub15]).

3.3 Les différentes étapes de réalisation de la coregistration

Bien que le recalage en imagerie médicale corresponde à un réel besoin clinique, nous préférons nous concentrer ici sur ses aspects techniques en mettant de côté l'utilisation qui en est faite. Notons simplement quels sont les besoins et contraintes imposés par le praticien. Le **recalage** est avant tout un **compromis entre sa précision et sa rapidité d'exécution**, l'idéal étant bien entendu de **minimiser le temps de calcul tout en maximisant la précision obtenue**.

Sachant cela, la coregistration d'images médicales implique un travail subtil et complexe. Elle comprend **deux aspects cruciaux** qu'il est impératif de conserver à l'esprit tout au long de son étude. **Tout d'abord, les images doivent faire l'objet de transformations**. Par après, la **mise en correspondance** de ces images transformées **doit encore subir une optimisation**. Par conséquent, **parmi tous leurs agencements concevables, nous ne retiendrons que celle qui minimisera et masquera le plus possible leurs différences**.

Pour réaliser cette tâche, on utilise des **algorithmes prenant en considération** deux facteurs capitaux : **les différentes modalités des images** et **les écarts dans le positionnement du patient**. Ces

algorithmes empruntent généralement une **même démarche**⁹ en **plusieurs étapes** se succédant toujours dans le **même ordre** :

1. Ainsi, en premier lieu, après avoir au besoin accompli un prétraitement des données brutes des images à coregistrer, on débute par l'**extraction, dans chacune d'elles, des caractéristiques sur lesquelles va reposer leur alignement**.
2. Ensuite, successivement, **on apparie les caractéristiques obtenues, on choisit le modèle de transformation géométrique que l'on va appliquer**, et finalement **on détermine une façon de quantifier** de la meilleure manière qui soit la **similarité**¹⁰ **entre les deux images impliquées**. Cette mesure s'effectue entre une des deux images, appelée **image de référence (ou modèle)**, et une seconde, créée synthétiquement par déformation de l'autre image à recaler (ou scène). La maximisation de cette similarité, i.e. la **recherche des paramètres de la transformation modélisant au mieux la déformation à corriger**, symbolise véritablement le *cœur de l'algorithme de recalage*.
3. Une fois que les paramètres optimaux ont été déterminés, il ne reste plus qu'à **réaliser réellement cette transformation et donc à mettre en œuvre la mise en correspondance des deux images**.

3.4 Traduction mathématique du problème de la coregistration

Cette démarche montre clairement que les **algorithmes de coregistration reposent usuellement sur les quatre éléments**¹¹ **suivants : un espace des caractéristiques**¹², **un espace de recherche**¹³, **une fonctionnelle d'appariement**¹⁴ ainsi qu'une **procédure d'optimisation**.

Expliquons-nous ! Soit I_1 et I_2 les images à recaler, le "*cœur du processus*" de coregistration¹⁵ peut alors se résumer formellement de la manière suivante :

$$\bar{T} = \arg \max_T S(f_1(I_1), f_2(T(I_2)))$$

Où

- \bar{T} est la **transformation recherchée**,
- f_1 et f_2 sont les **fonctions extrayant les caractéristiques des images**,
- S est une **fonction de similarité**, définie sur l'espace des caractéristiques extraites par les fonctions f_1 et f_2 ,
- et enfin, $\arg \max_T$ représente la **procédure d'optimisation de la mesure de similarité, recherchant le maximum dans l'espace de recherche défini par les paramètres de T** .

⁹ Due initialement à GERLOT-CHIRON et BIZAIS.

¹⁰ La notion de similarité entre images est délicate à définir. Son fondement réside dans les hypothèses faites a priori sur le lien reliant les images, et la signification de cette relation dépend essentiellement de leur nature.

¹¹ Ils ne rendent pas totalement compte de la diversité des approches de la coregistration, mais ils offrent un tableau assez général.

¹² Sur lesquelles s'appuient la coregistration.

¹³ On dit aussi *espace des transformations possibles*.

¹⁴ Que l'on nomme aussi *fonction de coût* ou *fonction* (ou *mesure*) *de similarité*.

¹⁵ Ce que l'on entend par "*cœur du processus*" reprend en fait toutes les étapes de la coregistration que nous avons présentées sauf une, la dernière, i.e. la réalisation "en tant que telle" de la transformation de la scène afin que cette dernière soit vraiment en correspondance avec le modèle.

On peut noter que **même si ces éléments ne constituent pas à proprement parler des "étapes distinctes" de toutes les méthodes de recalage**¹⁶, il est communément admis qu'il est possible de s'y ramener dans la plupart des cas.

Par conséquent, vu leur extrême importance, il est intéressant de revenir sur ces notions de manière plus explicite. Toutefois, nous ne le ferons pas tout de suite. *Nous allons auparavant continuer et terminer la description globale du côté "réalisation de la coregistration" en parlant de ses traitements annexes.*

3.5 Traitements annexes à la coregistration

Un ensemble de traitements adjacents, avant, après ou même pendant la procédure, s'ajoutent naturellement à ceux décrits antérieurement.

3.5.1 Les prétraitements

La plupart du temps, nous l'avons déjà évoqué, il s'avère nécessaire de prétraiter les données car leur forme brute est souvent trop complexe à utiliser. Nous avons ainsi des **prétraitements sur la géométrie** (rééchantillonnage préalable des images afin d'obtenir des voxels cubiques et/ou de même taille), **sur les intensités** (diminution du nombre d'intensités des images (passage de 16 à 8 bits par points), **ou plus souvent sur les images elles-mêmes.**

Dans ce dernier cas, il existe principalement **deux types de prétraitements complémentaires.** La **première catégorie** vise à **améliorer le rapport signal à bruit des données.** Différents types de filtrages élémentaires sont envisageables comme les **filtres gaussiens** (lissage des données), ou le **filtre médian** permettant, au prix également d'un lissage, d'éliminer les valeurs aberrantes d'une image. La **seconde catégorie** de prétraitements que nous rencontrons est celle regroupant les **opérations visant à extraire l'information pertinente contenue dans les différents jeux de données.** Ces opérateurs sont principalement des opérateurs de **segmentation**, ou des opérateurs de **filtrage** (filtre passe-haut, détection de contours, gradient). Ainsi, certains articles de la littérature, plutôt orientés vers le *pattern-matching* (ou association de formes) présentent des **méthodes d'extraction explicite ou implicite de formes comme des lignes, des surfaces, ou encore des objets**¹⁷.

3.5.2 Post-traitements

A côté des techniques déjà abordées de présentation du résultat d'un recalage ou de fusion de données, la **problématique de l'évaluation et de la validation de la coregistration** apparaît comme un **problème crucial et délicat.** Cette notion qui **couvre à la fois la comparaison entre deux transformations (calcul d'une erreur) et l'évaluation plus générale de la qualité d'une méthode de recalage (variation des erreurs),** demeure très importante¹⁸ : il est en effet plus qu'essentiel de connaître avec quelle précision les images ont été recalées avant de penser à s'en servir à des fins thérapeutiques ou diagnostiques.

Une telle estimation, en procurant au personnel médical une base pour interpréter des analyses, **permet de diminuer le risque d'émission de conclusions erronées due à une mauvaise interprétation de l'information extraite.** De même, **vu que le plus souvent on a recours à un processus itératif pour combiner nos images,** il est **primordial de savoir quand suspendre un tel**

¹⁶ Cette façon de voir le processus de coregistration a été proposée initialement par BROWN dans l'article fondamental [Pub34].

¹⁷ Remarquons ici que certains experts en imagerie médicale assimilent ce dernier genre de prétraitement à l'une des étapes proprement dites de la réalisation de la coregistration. Il n'y a pas de consensus là-dessus.

¹⁸ Les *erreurs* peuvent provenir d'un grand nombre de paramètres tout au long de la procédure de coregistration : imprécision de l'étape de segmentation, problème des extrema locaux lors de la procédure de recherche, validité du type de transformation considéré, etc. En outre, il faut également y prendre en compte la qualité des images : bruit, différence de précision entre les deux modalités, etc.

mécanisme. Les procédures d'évaluation se révèlent alors fort utiles pour déterminer le moment optimal de l'interruption.

Malheureusement, dans la pratique, un gros problème se présente : il n'existe **pas de démarche foncièrement satisfaisante et fiable pour estimer la précision d'une méthode de recalage dans un contexte clinique**. Dans l'état actuel des recherches sur l'évaluation de la coregistration, il est **parfaitement impossible de définir ou d'identifier pour toute méthode une métrique pouvant s'interpréter quantitativement en termes de qualité de résultat**. Les analyses que l'on peut effectuer ne semblent ni raisonnablement parlantes ni généralisables aux différentes situations rencontrées. Sur cet aspect de qualité du résultat du recalage, l'ordinateur apparaît donc totalement désarmé. Cette question est d'ailleurs considérée dans les publications de ces dernières années comme un problème non résolu.

La **contribution du spécialiste** se révèle alors **indispensable** pour prodiguer une appréciation du résultat. Dans ce cadre, une démarche médicale assistée par ordinateur peut globalement se résumer ainsi : une, voire deux images sont produites à l'ordinateur qui les confronte entre elles ou avec un atlas stocké dans une base de données en mémoire. Il en conserve les meilleures conditions de recalage possibles. Par la suite, les résultats sont communiqués au praticien, qui décidera seul si une information valable peut en être retirée ou si ces résultats ne manifestent aucun intérêt.

Remarquons que, **bien avant toute intervention de l'ordinateur, le concours du spécialiste semble également prépondérant car lui seul peut, de par ses connaissances et son expérience, déterminer si deux images sont susceptibles d'être appariées ou pas**. Cette sorte de supervision, **d'intromission d'une information "a priori"**, établit ainsi la **bonne marche du processus**. Effectivement, comme **l'ordinateur se montre sur le plan du recalage tout à fait inapte** à distinguer, **à reconnaître à première vue quoi que ce soit, il concédera un résultat, même si on lui procure au départ des images d'organes franchement différents !** Pourquoi ? Parce qu'il tentera forcément de minimiser la distance entre les deux images sans déceler le moins du monde l'aberration, l'absurdité de ce travail. Comment alors dans ces circonstances discuter de qualité du résultat ?

Malgré tout, il existe quelques méthodes d'évaluation qui, une fois appliquées, et lorsque l'on prend en compte l'ensemble de leurs résultats, permettent une estimation plus ou moins fiable du succès de la coregistration effectuée. On les fractionne d'ailleurs en deux familles : les qualitatives et les quantitatives.

D'un côté, l'**évaluation qualitative, basée essentiellement sur des techniques de visualisation globale ou partielle d'images**, offre la possibilité de se représenter le résultat de la coregistration. D'un autre côté, l'**évaluation quantitative** permet d'estimer la précision et la complexité des méthodes de coregistration. Cette dernière qui, contrairement à l'évaluation qualitative, **repose sur des calculs statistiques** (calculs de maximum, de minimum, de déviations standards) **se subdivise usuellement en deux catégories de méthodes, à savoir dynamiques ou statiques, selon que celles-ci soient respectivement appliquées pendant ou après le processus de recalage**. Nous vous renvoyons du reste pour plus de détails au travail de Sabine DURY intitulé "*Etude des techniques d'évaluation de la coregistration : Application au domaine médical*".

Signalons encore qu'en plus d'évaluer le résultat d'une coregistration, il ne faut pas oublier qu'il est **aussi capital d'évaluer la technique en elle-même**. Les points à considérer alors regroupent notamment

- sa **robustesse**, c-à-d sa capacité d'être insensible aux dissimilarités portées par les données,
- les **ressources qu'elles requiert**, qui concernent le matériel ainsi que l'effort impliqué dans la procédure de recalage,
- sa **complexité algorithmique**, liée au temps de calcul qui doit rester modéré,
- ou encore **son utilisation en routine clinique** : une telle technique doit répondre aux besoins et fournir des résultats utiles aux spécialistes.

En principe, tous ces critères doivent être satisfaits... mais c'est généralement complètement irréaliste. Aussi, un compromis doit être trouvé dans la plupart des cas. Il est ainsi envisageable, parmi une vaste gamme de méthodes, d'adopter la plus adaptée à la résolution d'un problème clinique particulier.

3.6 Les quatre éléments sur lesquels se base univoquement toute méthode de coregistration

3.6.1 L'espace des caractéristiques

L'espace des caractéristiques représente l'ensemble des informations extraites des deux images à coregistrer¹⁹, utilisé pour caractériser celles-ci, et sur lequel va reposer le recalage. Ces caractéristiques vont en fait servir de **base au calcul de la transformation adéquate** et se doivent pour cela d'être **représentatives des caractères communs, ou homologues des images considérées²⁰**.

Ces structures homologues ou caractéristiques communes aux deux jeux de données image, que l'on nomme aussi **primitives**, doivent être clairement identifiées afin d'être appariées : cela réduit alors la quantité de données à coregistrer.

Deux familles de caractéristiques sont utilisées dans le cadre du recalage : on discrimine ainsi habituellement les **extrinsèques, induites par des objets "étrangers", artificiels introduits a priori dans l'espace image du patient**, des **intrinsèques**, qui sont des **informations comprises au sein même des images**. Nous allons les décrire ci-dessous.

Auparavant, signalons qu'il existe également des **méthodes** de coregistration qui ne sont **pas basées sur le contenu des images**. Il peut paraître **paradoxal** que le recalage ne soit pas fondé sur les images mais cela est parfaitement **possible si les systèmes de coordonnées des deux appareils d'acquisition sont calibrés l'un par rapport à l'autre**. Cela oblige à ramener les deux systèmes d'acquisition dans un même référentiel et suppose que le patient reste immobile pendant les deux acquisitions concernées.

Ces **méthodes par alignement de référentiels** impliquent donc que **le patient est installé, à l'aide de plans lasers fixes, dans une position spécifique définie à l'avance pour chaque exploration**. Ce genre de méthode de coregistration est assez commode à mettre en œuvre mais la reproductibilité du positionnement du patient demeure quelques fois fort délicate. De même, il est surtout exploité lorsque les **machines d'acquisition** à disposition sont du **"dernier cri"** ²¹.

¹⁹ Pour rappel, le *modèle* et la *scène*.

²⁰ D'où le nom de "*structures homologues*" que leur prêtent certaines sommités en coregistration.

²¹ De telles machines permettent, dans ce cas, de réaliser plusieurs modalités d'images différentes. Par exemple, des images CT et TEP.

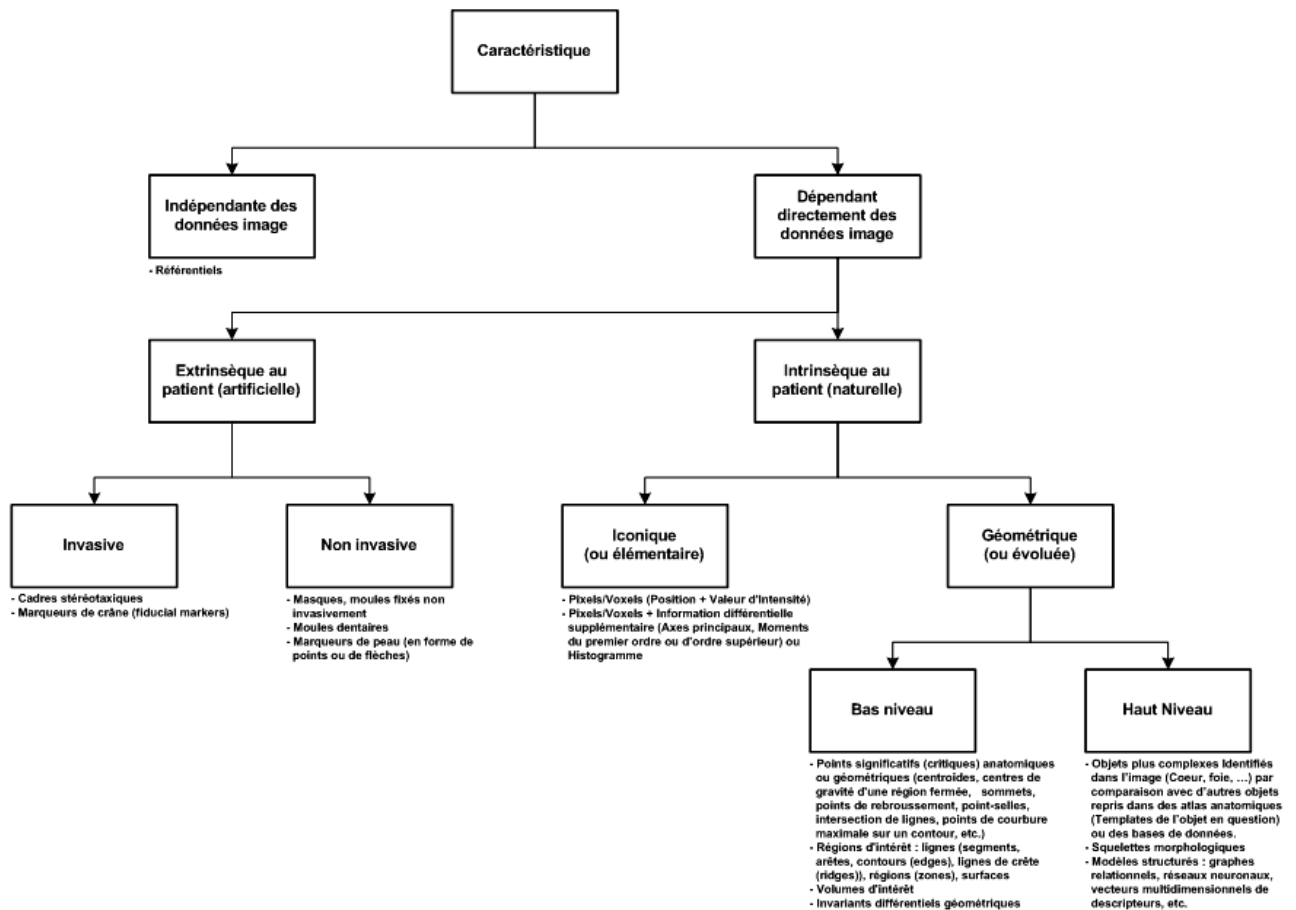


Figure 3.3 - Classification des différentes caractéristiques sur lesquelles se basent les algorithmes de coregistration.

3.6.1.1 Caractéristiques extrinsèques au patient (objets introduits dans l'espace image)

Les *méthodes extrinsèques* reposent sur l'utilisation d'objets artificiels fixés ou accolés au patient comme un cadre stéréotaxique²² vissé au crâne du patient ou des marqueurs externes²³ (cadre non vissé, moule de la face ou dentaire, repères collés à la peau²⁴, etc.). Ces objets sont conçus pour être **facilement visibles et détectables avec une grande précision dans les différentes modalités impliquées**²⁵. De cette façon, le recalage est assez précis, facile à réaliser, rapide et semi-automatique : assurément, il ne nécessite pas une tâche d'extraction de points caractéristiques et ne demande pas de procédure d'optimisation car les paramètres de transformation peuvent être calculés directement. Néanmoins, cette classe de méthodes comporte quelques inconvénients. Le **caractère invasif** de certains marqueurs est bien entendu **limitant**. Des marqueurs non-invasifs peuvent être utilisés mais le recalage est dans cette éventualité beaucoup moins précis²⁶. Cependant, ce n'est pas le plus ennuyant ! En effet, **l'inconvénient majeur** de ce type de méthodes est que les *marqueurs en question doivent être positionnés avant l'acquisition* : on parle d'ailleurs dans ce cas de *méthodes de recalage prospectives*. La *coregistration rétrospective*²⁷ n'est donc absolument *pas possible*. Finalement, en général, à cause de l'absence d'exploitation de l'information image dans la procédure de recalage, seuls

²² On fait essentiellement appel à lui pour des interventions neurochirurgicales comme des biopsies profondes.

²³ On dit aussi *repères artificiels*.

²⁴ Cette approche, beaucoup moins contraignante que la précédente, s'avère plus permissive quant aux genres de situations auxquelles elle peut s'appliquer. Les principales difficultés rencontrées résident d'une part dans la réalisation de marqueurs visibles dans les différentes modalités concernées, et d'autre part dans le choix du nombre et des points du corps où ils seront fixés.

²⁵ Ces accessoires sont portés par le patient pendant et entre chaque examen de telle sorte qu'ils définissent le même système de coordonnées sur les images à coregistrer.

²⁶ Remarquons que les marqueurs non invasifs sont les seuls "éthiquement utilisables" en médecine nucléaire.

²⁷ Sans intervention au niveau du protocole d'acquisition d'images.

des recalages rigides²⁸ peuvent être obtenus par ces méthodes. Cependant, il est toujours possible techniquement d'apparier des images présentant pas mal de différences car l'algorithme n'utilise que les coordonnées spatiales des marqueurs.

3.6.1.2 Caractéristiques intrinsèques au patient

Les *méthodes reposant sur des caractéristiques intrinsèques* s'appuient uniquement sur le contenu de l'image médicale. Elles peuvent exploiter

- soit des **caractéristiques iconiques** (ou **élémentaires**), c-à-d l'**ensemble des voxels de l'image**²⁹ (et éventuellement des invariants différentiels qui vont avec),
- soit des **caractéristiques géométriques**, qui seront de **bas** ou de **haut niveau** selon qu'elles représentent un **ensemble de structures présegmentées** (comme des **points significatifs**, des **contours**, des **surfaces** ou des **régions**), ou des **structures plus évoluées** comme des **objets** (ou des parties d'objets) **identifiés**, des **relations entre caractéristiques**, etc.

De telles méthodes, détectent en premier lieu les **propriétés intrinsèques du modèle**, comme des **points-clés** ou des **contours**, et les listent d'après leur nature. Ensuite, elles **décèlent les caractéristiques correspondantes sur la scène**. Aucune préparation du patient, coûteuse et astreignante, n'est requise avant la saisie d'images. Autres avantages : d'une part, elles laissent le patient libre entre les divers examens et d'autre part, ces procédures permettent de coregistrer rétrospectivement les images et ce, sans aucune précondition³⁰. Malheureusement, elles ont aussi leur lot d'inconvénients. La preuve en est fournie par leur **temps de calcul assez conséquent** s'étalant d'une dizaine de minutes à plusieurs heures.

3.6.1.2.1 Caractéristiques iconiques, c-à-d basées sur les propriétés des voxels

*Les méthodes iconiques*³¹, majoritairement automatiques, utilisent les voxels "**bruts**", c-à-d *s'appuient directement sur leurs positions et valeurs*. Elles forment une catégorie à part dans la classe des méthodes intrinsèques parce qu'elles ne font appel ni à une segmentation préalable des images, ni à une reconnaissance d'objets. Leur principe commun est de rechercher la transformation spatiale optimisant un certain critère de ressemblance dont le calcul ne fait intervenir que des comparaisons locales d'intensités des deux jeux d'images. L'optimisation de la relation conduit alors au recalage.

Deux approches sont possibles : soit les **valeurs d'intensités sont réduites à un jeu de scalaires et d'orientations représentatifs**, soit **la totalité de l'image est considérée sans aucune réduction des données**. La première approche est rapide mais peu précise, la seconde théoriquement très séduisante est limitée par le temps de calcul qu'elle nécessite. Cette dernière considération est cependant de moins en moins importante en raison de l'augmentation croissante de la puissance des calculateurs permettant d'assurer des temps d'exécution compatibles avec une utilisation en routine clinique.

Remarquons tout de même que **de telles méthodes sont extrêmement sensibles au moindre changement entre images**, ce qui est positif si on cherche à exploiter l'information sans aucune perte, mais surtout **extrêmement dérangent en cas de bruit dans l'image**. En fait, à cause de cette particularité, ces méthodes ne sont quasi exclusivement efficaces et donc appliquées, que dans le carcan de la coregistration d'images de modalités identiques où les deux images ne sont pas trop dissemblables, ou encore celui du recalage rigide.

²⁸ Uniquement des translations et des rotations.

²⁹ Les méthodes exploitant ces derniers sont de loin les plus populaires et couramment utilisées en routine clinique.

³⁰ Tout le contraire des méthodes extrinsèques.

³¹ "*Intensity-based methods*" or "*Voxel-based methods*" en anglais.

3.6.1.2.2 Caractéristiques géométriques

Les **méthodes géométriques**³² sont peut-être les plus naturelles car elles procèdent de façon analogue à l'esprit humain conscient. Dans un **premier temps**, il s'agit d'**identifier dans les images des caractéristiques géométriques communes** et qui peuvent être des **points**, des **lignes**, des **surfaces**, des **volumes**, des **repères orientés**..., voire des **descriptions structurées** mettant en jeu des relations entre éléments. Ayant ainsi réduit le signal visuel à une information géométriquement pertinente, on cherche la transformation spatiale qui apparie " au mieux " les différentes primitives.

Les méthodes géométriques reposent donc sur **deux étapes bien distinctes**, qui sont d'ailleurs généralement **menées de façon complètement indépendante**. La **première** étape, dite d'**extraction de formes ou de segmentation**, est souvent la plus problématique dès lors que l'on souhaite la réaliser automatiquement. Elle requiert d'**extraire des primitives** qui soient **significatives**, ce qui peut s'avérer **difficile** si les images sont fortement bruitées. Il faut encore ensuite que ces primitives correspondent aux mêmes réalités physiques dans les deux images; cette deuxième contrainte est particulièrement délicate dans un problème de recalage multimodal. Ainsi, **la mise en oeuvre des méthodes géométriques nécessite une forte connaissance a priori sur la nature des objets imagés**, ce qui rend leur champ d'application très spécifique.

Nous pouvons donner quelques **exemples de primitives détectées automatiquement dans un but de recalage** : des **points significatifs**³³, des **lignes de crête**, des **contours**, des **surfaces**, des **volumes** ou, à un niveau sémantique supérieur, des **associations d'éléments**³⁴ ou des descripteurs de formes de haut niveau comme des **descripteurs morphologiques**.

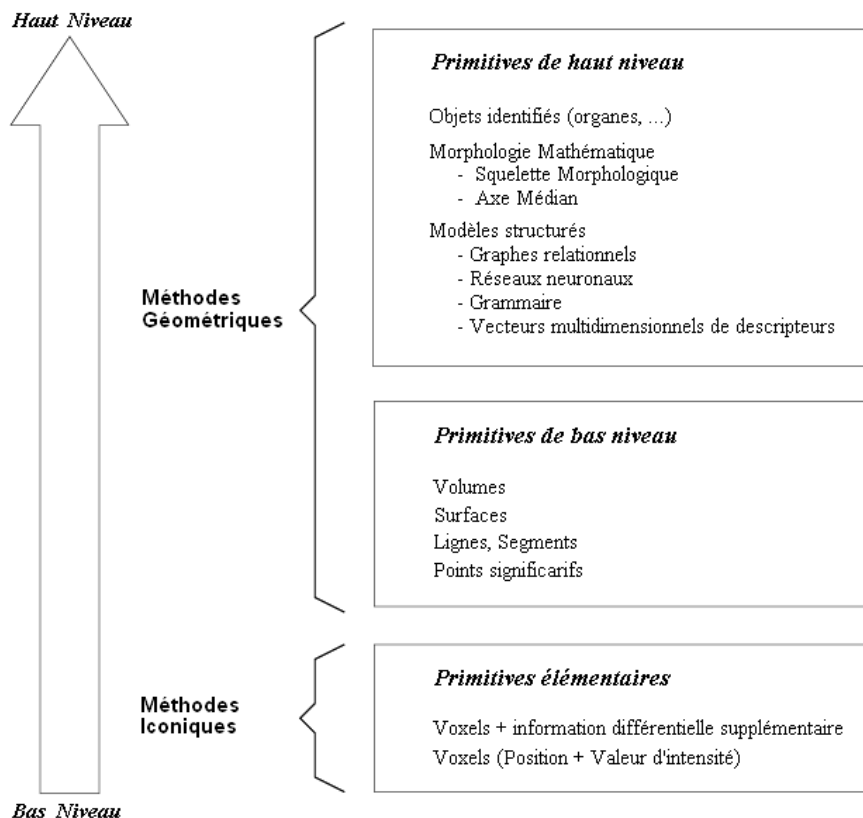


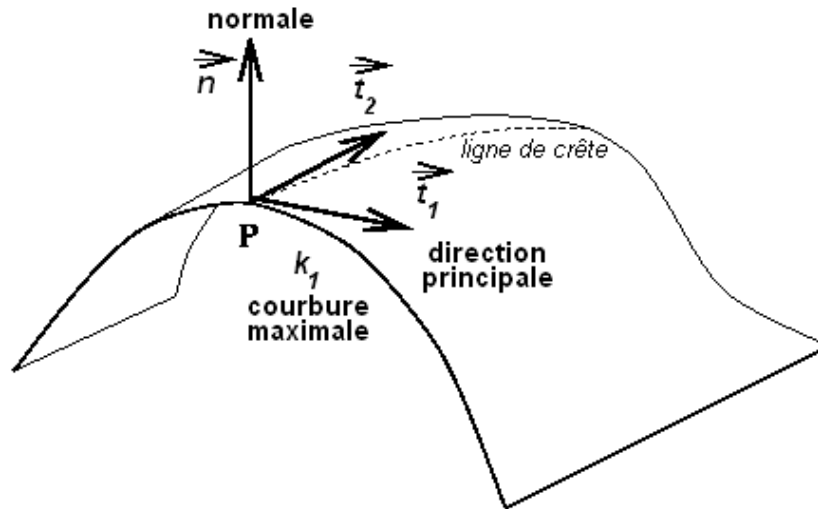
Figure 3.4 - Classification générale des méthodes de recalage intrinsèques selon le type de primitives qu'elles utilisent ([Ouv25]).

Figure 3.5 - Les lignes de crête sont basées sur des critères différentiels utilisant jusqu'à la dérivée troisième, et définies par la suite de points dont la courbure maximale est un extremum local dans la direction principale ([Ouv18]).

³² "Feature-based methods" en anglais.

³³ Ces points significatifs sont soit des **points anatomiques** le plus souvent désignés de manière interactive, soit des **point-clés**, i.e. des **points ayant des propriétés géométriques particulières** (coins, intersections de lignes, points d'inflexion, point-selles, points de rebroussement ou encore points de courbure maximale).

³⁴ Il est bien sûr possible de considérer plus qu'un seul type de primitives en même temps.



3.6.1.2.2.1 Caractéristiques de bas niveau

Pour éviter les inconvénients des méthodes axées sur les pixels, les caractéristiques géométriques de bas niveau ont été proposées et appliquées. Dans ce genre de méthodes, les caractéristiques communément exploitées peuvent se subdiviser en deux groupes : le premier comprend des caractéristiques issues directement de la segmentation, comme des segments, des point-clés, des arêtes, des contours, des surfaces, des cavités ou encore des régions, alors que le second contient des caractéristiques plus sophistiquées, comme des enveloppes convexes, constituées à partir de ce premier groupe. Il est bien entendu que ces divers "attributs" peuvent s'extraire de presque l'unanimité des images médicales, c'est la condition *sine qua non* pour que le recalage soit concevable... mais il n'est pas simple de les obtenir.

Pour de nombreuses images, la machine se révélera incapable de détecter des caractéristiques d'appariement ou le fera avec grande difficulté. De temps à autre elle offrira même des résultats complètement incorrects : la distance du recalage sera très élevée et par conséquent, pas du tout admissible. Des méthodes semi-automatiques peuvent s'utiliser pour éviter ces inconvénients désagréables : elles sollicitent l'intervention de l'utilisateur qui va déterminer de manière interactive les éléments caractéristiques présents dans les deux images.

Un avantage capital des méthodes "bas niveau" est que le résultat de la coregistration s'avère généralement plus stable que celui fourni par l'approche fondée sur les pixels. En outre, une fois les caractéristiques de l'image extraites, l'algorithme de recalage se révèle plus rapide que dans le cas de la comparaison pixel par pixel. Par contre, il faut remarquer que leur plus grande faiblesse réside dans le fait que l'appariement est réalisé sans aucune compréhension des objets... et cela nous mène bien souvent à un mauvais recalage. L'explication en est toute simple : il est toujours possible que deux objets relativement différents soient appariés, mis en correspondance si la méthode trouve une transformation dont la distance est minimale entre les deux objets considérés.

3.6.1.2.2.2 Caractéristiques de haut niveau

Ce type de méthodes est apparu dans le but de résoudre le problème soulevé dans le paragraphe précédent par les méthodes de bas niveau. Selon Antoine MAINTZ et d'autres grandes personnalités dans le domaine, on les retrouve sous l'appellation "*image understanding methods*" ou encore "*object-based methods*". De plus, elles font l'objet d'un intérêt croissant non seulement dans le monde des informaticiens mais aussi parmi des mathématiciens renommés comme LEVIN et PELLIZARI.

Dans un premier pas, ces méthodes décèlent les caractéristiques de base des images à appairer, qui sont le plus fréquemment des contours ou des régions segmentées. Dans une seconde étape, les caractéristiques détectées sont comparées à des objets standardisés et labellisés contenus dans une base de données. Cette confrontation permet ensuite de reconstruire et de

reconnaître les objets dans les images sous analyse. Ce processus est souvent relativement complexe : il nécessite des opérateurs de transformations élastiques ou localement rigides aussi bien que de bonnes méthodes de correction d'images. Mais il est nécessaire, il constitue une **étape cruciale sans laquelle il serait impossible d'exécuter correctement la coregistation.**

Par **après**, finalement, **l'algorithme** de recalage "*haut niveau*" **enlève des images à coregistrer tous les éléments "redondants" non reconnus et inintéressants.** Les objets ainsi dégagés, identifiés³⁵ se voient alors pris en considération par des transformations élastiques³⁶ (ou éventuellement rigides). Cette façon de faire est plus robuste que celle décrite auparavant et permet d'éviter d'apparier un objet à un autre s'ils renferment différentes significations.

Indiquons encore que pour exécuter le recalage de manière efficace, **les objets à recaler se doivent inévitablement d'être bien identifiés.** C'est là que siège toute la difficulté de ces méthodes. En effet, ce n'est pas toujours simple. En diverses circonstances, un objet pourrait être représenté différemment. Ainsi, une image TEMP d'un patient n'est pas forcément pareille à une autre, acquise à un autre instant. Cet aspect souligne **l'importance de profiter, de disposer d'une base de données complète, flexible...** et **que l'on peut aussi aisément "upgrader", mettre à jour.**

3.6.2 L'espace de recherche

Après avoir effectué les prétraitements adéquats et extrait les caractéristiques nécessaires à la réalisation de la coregistation, **on choisit le type de transformation** purement **spatiale** qui corrigera au mieux les défauts d'alignements des deux images, le **but** étant bien sûr de **modéliser une fonction** généralement bijective **faisant correspondre les coordonnées de chaque point de la scène avec les coordonnées de leur homologue sur l'image de référence**³⁷. Une fois **modélisée**, cette **transformation se résume alors en un ensemble de paramètres caractérisant la fonction** en question³⁸. En conséquence, on peut définir *l'espace de recherche* comme *l'ensemble de toutes les valeurs possibles des paramètres de la transformation modélisée.*

3.6.2.1 La classification des transformations

Les transformations possibles peuvent se **classer** principalement **selon deux aspects** qui s'avèrent finalement dans la pratique très **interdépendants** : d'une part, leur **domaine d'application** et d'autre part, leur **nature**. On distingue ainsi respectivement, les *globales*³⁹ des *locales*⁴⁰, et les *rigides* ou *semi-rigides* des *élastiques*⁴¹.

Une transformation locale présente l'avantage d'optimiser le recalage pour une région d'intérêt, en temps et en qualité. Cependant, une approche locale présente l'inconvénient d'être très sensible au bruit, et très **dépendante de la qualité de la segmentation** (dans le cas où l'on utilise des images présegmentées). À ce moment-là, un recalage global serait plus adapté. En outre, ce dernier peut parfois se révéler utile pour traiter des images où l'on sait pertinemment par exemple que la seule différence entre elles réside dans une translation, une rotation ou un simple facteur d'échelle.

³⁵ C'est la raison pour laquelle on associera aux caractéristiques de "*haut niveau*" de ces méthodes la dénomination "*objets identifiés*".

³⁶ Nous en parlerons à la section suivante sur les différentes transformations.

³⁷ La modélisation d'une telle transformation sous une forme manipulable dépend évidemment directement de chaque problème particulier.

³⁸ Ces paramètres sont par exemple des vecteurs de translation selon divers axes, des angles de rotation, des facteurs d'échelle, des coefficients de torsion, etc.

³⁹ De telles transformations portent sur l'image toute entière.

⁴⁰ L'image est alors découpée en différentes portions subissant chacune leur propre transformation. Dans ce dernier cas, il s'ajoute pour des raisons de continuité la gestion des frontières entre les différentes parties afin de combiner ces transformations locales.

⁴¹ Attention : les problèmes de recalage entre *images de modalités différentes* se situent à *deux niveaux*. Un *niveau positionnel* qui consiste clairement en la mise en correspondance globale des objets étudiés par une *transformation rigide* ou *semi-rigide*, ainsi qu'un *niveau d'affinement* qui a pour but de corriger les non-linéarités locales induites d'une part par les appareils imageurs, et d'autre part par l'élasticité éventuelle des objets observés (*transformation élastique*).

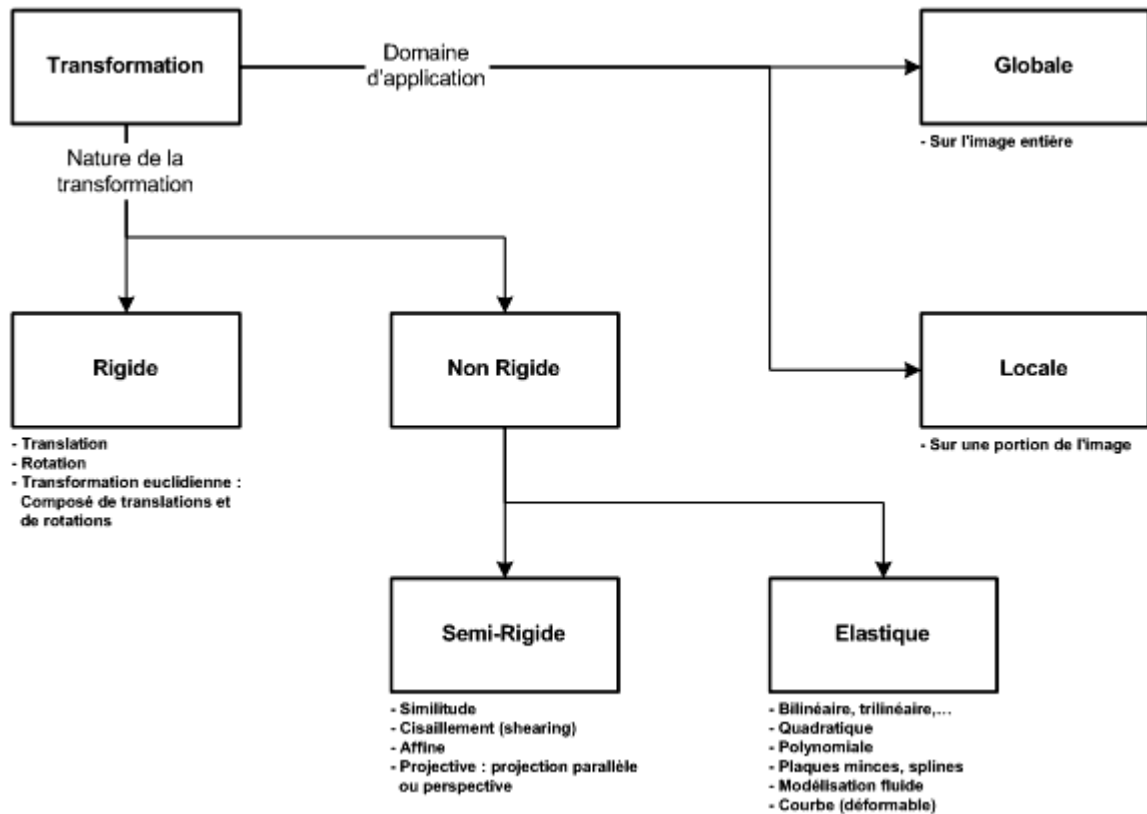


Figure 3.6 - Classification, selon leur domaine et leur nature, des différentes transformations que l'on peut appliquer à la scène afin de la coregistrer avec le modèle.

La figure ci-dessous, illustre les **différents types de transformations envisageables dans le cas 2D**. Notons que **toutes les transformations locales peuvent introduire des trous ou des recouvrements dans l'image**⁴².

	Rigide	Affine	Projection	Courbe
Globale				
Locale				

Figure 3.7 - Exemples de transformations 2D d'une image ([Ouv23]).

Après avoir introduit les notions de **coordonnées et matrices homogènes**⁴³, nous allons nous limiter dans la suite de cette section à procurer un **éventail non exhaustif des transformations**⁴⁴ que l'on peut couramment rencontrer et à les expliciter quelque peu ! Ces transformations seront **représentées le plus souvent sous leur forme matricielle... sinon sous celle d'un système d'équations**. D'autres représentations mathématiques sont parfois concevables mais nous n'en

⁴² Ce qui rend bien dans ce cas de figure notre fonction non bijective.

⁴³ Qui nous serviront bien ensuite pour la représentation des quelques transformations que nous présentons.

⁴⁴ Remarquons que cette présentation est réalisée selon l'ordre croissant du nombre de degrés de liberté impliqués, c-à-d selon la dimension de l'espace de recherche ou encore du nombre de paramètres à déterminer.

parlerons pas ici.

Vecteurs coordonnées homogènes et matrices de transformation associées

A la place de représenter chaque point (x, y, z) dans un espace à trois dimensions avec un vecteur colonne à trois dimensions $(x, y, z)^T$, les coordonnées homogènes permettent à chaque point (x, y, z) d'être représenté par un nombre infini de vecteurs à quatre dimensions $(x_h, y_h, z_h, w_h)^T$ définis par $x = \frac{x_h}{w_h}$, $y = \frac{y_h}{w_h}$, $z = \frac{z_h}{w_h}$ et où w_h est une constante différente de zéro. Ainsi, tout vecteur colonne à trois dimensions correspondant à un vecteur colonne quelconque à quatre dimensions peut être calculé en divisant les trois premiers éléments de ce dernier par le quatrième, et vice-versa un vecteur colonne à quatre dimensions correspondant à un vecteur colonne à trois dimensions peut être créé en ajoutant simplement un quatrième élément et à lui attribuer une valeur égale à un.

Quel est l'intérêt d'une telle formalisation ? Nous verrons en fait qu'elle permet de traiter au point de vue mathématique calculatoire toutes les opérations de transformations de la même manière, à savoir comme des multiplications par des matrices. Le but est clairement de rendre une transformation quelconque composée d'une translation sous la forme d'une opération exclusivement multiplicative ($Transf(x) = T.x$ où $Transf$ est la transformation, x est un vecteur colonne, et T une matrice carrée 4x4) et non plus comme un agrégat de deux opérations distinctes (c-à-d d'une part, une multiplication par une matrice et d'autre part, une addition de deux vecteurs) comme c'est le cas dans la représentation usuelle à trois dimensions ($Transf(x) = M.x + t$ où x et t sont des vecteurs colonnes et M une matrice carrée 3x3).

Les matrices de transformation de coordonnées homogènes opèrent donc sur des représentations de coordonnées tridimensionnelles traditionnelles sous la forme de vecteurs coordonnées homogènes à quatre dimensions. Il en découle que les **transformations linéaires tridimensionnelles** (rotation, translation, similitude, perspective, cisaillement, projective, euclidienne, affine,...) peuvent être représentées par une matrice de transformation T de coordonnées homogènes 4x4 définie par

$$\begin{pmatrix} x_h \\ y_h \\ z_h \\ w_h \end{pmatrix} = T \cdot \begin{pmatrix} x_h \\ y_h \\ z_h \\ w_h \end{pmatrix} \text{ où } T = \begin{pmatrix} t_{11} & t_{12} & t_{13} & t_{14} \\ t_{21} & t_{22} & t_{23} & t_{24} \\ t_{31} & t_{32} & t_{33} & t_{34} \\ t_{41} & t_{42} & t_{43} & t_{44} \end{pmatrix}.$$

Vu la redondance introduite par la convention de notation des coordonnées homogènes et plus particulièrement par leur quatrième élément w_h qui peut valoir a priori n'importe quelle valeur, une infinité de matrices homogènes de transformation 4x4 sont disponibles pour réaliser une telle transformation ! Pour éviter cela et éliminer cette redondance, on utilise une unique représentation de la matrice homogène T en divisant tous ses éléments par le tout dernier (qui devient alors égal à un). Cela signifie donc qu'une telle matrice peut incorporer jusqu'à quinze paramètres indépendants ! Dans ce cas, l'allure de notre équation ci-dessus devient :

$$\begin{pmatrix} x_h \\ y_h \\ z_h \\ w_h \end{pmatrix} = T \cdot \begin{pmatrix} x_h \\ y_h \\ z_h \\ w_h \end{pmatrix} \text{ où } T = \begin{pmatrix} t_{11} & t_{12} & t_{13} & t_{14} \\ t_{21} & t_{22} & t_{23} & t_{24} \\ t_{31} & t_{32} & t_{33} & t_{34} \\ t_{41} & t_{42} & t_{43} & 1 \end{pmatrix}.$$

On fera en sorte également que w_h et w_h' valent un maximum de fois un.

3.6.2.1.1 Transformations rigides

Une transformation est qualifiée de **rigide** si la distance entre deux points quelconques d'une

image est conservée après mise en correspondance de cette image avec une autre : on l'applique habituellement à des "objets" relativement invariables, peu déformables, tels que la tête d'un patient.

Une transformation rigide est donc tout simplement la **composée de translations et de rotations**. Une telle transformation, qui **préserve**, outre les **longueurs**, les **angles** et les **surfaces**, a **relativement peu de paramètres à estimer** : ainsi, toute transformation rigide peut être décrite respectivement par trois et six paramètres dans les cas 2D et 3D.

Elle incarne la transformation **la plus fréquemment utilisée pour le recalage** d'images médicales **intrasujet** car généralement alors, les deux images à aligner ne diffèrent que par une rotation et une translation. On en déduit aisément que l'un de ses principaux domaines d'application en routine clinique demeure par conséquent le recalage d'images du cerveau.

Dans la littérature sur le recalage, certaines personnes considèrent que les transformations composées d'une rotation, d'une translation et d'un ou de plusieurs facteurs de mise à l'échelle sont également des transformations rigides. Cependant, si l'on examine la définition mathématique exacte d'une transformation rigide, ce n'est absolument pas vrai... Nous avons pour notre part considéré ce dernier genre de transformations comme semi-rigides (Cf. le point suivant).

Toute transformation rigide peut se décomposer en une translation et une ou plusieurs rotations. En trois dimensions, le point $X = (x, y, z)^T$ est transformé en un point $X' = (x', y', z')^T$ suivant la formule

$$X' = R \cdot X + T = R_x \cdot R_y \cdot R_z \cdot X + T \quad \text{c-à-d} \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \\ z' \end{pmatrix} = R_x \cdot R_y \cdot R_z \cdot \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix} \quad \text{où}$$

- R est une matrice de rotation classiquement représentée par ses **angles d'Euler** (α , β , et γ), c-à-d par des rotations successives autour des trois axes principaux

- $R_x = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & \cos \alpha & -\sin \alpha \\ 0 & \sin \alpha & \cos \alpha \end{pmatrix}$ est la matrice de rotation d'un angle α autour de l'axe X,

- $R_y = \begin{pmatrix} \cos \beta & 0 & \sin \beta \\ 0 & 1 & 0 \\ -\sin \beta & 0 & \cos \beta \end{pmatrix}$ est la matrice de rotation d'un angle β autour de l'axe Y,

- $R_z = \begin{pmatrix} \cos \gamma & -\sin \gamma & 0 \\ \sin \gamma & \cos \gamma & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$ est la matrice de rotation d'un angle γ autour de l'axe Z,

- et enfin, $\begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix}$ est le vecteur de translation.

Ce qui donne

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \\ z' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos \gamma \cdot \cos \beta & \cos \gamma \cdot \sin \beta \cdot \sin \alpha - \sin \gamma \cdot \cos \alpha & \cos \gamma \cdot \sin \beta \cdot \cos \alpha + \sin \alpha \cdot \sin \gamma \\ \sin \gamma \cdot \cos \beta & \sin \alpha \cdot \sin \beta \cdot \sin \gamma + \cos \alpha \cdot \cos \gamma & \sin \gamma \cdot \sin \beta \cdot \cos \alpha - \cos \gamma \cdot \sin \alpha \\ -\sin \beta & \cos \beta \cdot \sin \alpha & \cos \beta \cdot \cos \alpha \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix}$$

R étant une matrice de rotation orthogonale directe 3x3, c'est-à-dire vérifiant les deux conditions $R \cdot R^T = R^T \cdot R = I_3$ et de déterminant unitaire ($\det(R) = 1$), elle est orthonormale. Une translation est un cas particulier où R est la matrice identité I_3 , tandis qu'une simple rotation est celui où T est un vecteur nul c-à-d si $X' = R \cdot X$,

Dans la représentation en coordonnées homogènes, nous avons alors $X'_h = M \cdot X_h$, c-à-d

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \\ z' \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos \gamma \cdot \cos \beta & \cos \gamma \cdot \sin \beta \cdot \sin \alpha - \sin \gamma \cdot \cos \alpha & \cos \gamma \cdot \sin \beta \cdot \cos \alpha + \sin \alpha \cdot \sin \gamma & t_x \\ \sin \gamma \cdot \cos \beta & \sin \alpha \cdot \sin \beta \cdot \sin \gamma + \cos \alpha \cdot \cos \gamma & \sin \gamma \cdot \sin \beta \cdot \cos \alpha - \cos \gamma \cdot \sin \alpha & t_y \\ -\sin \beta & \cos \beta \cdot \sin \alpha & \cos \beta \cdot \cos \alpha & t_z \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \\ 1 \end{pmatrix}$$

Rares sont les objets du monde réel qui sont parfaitement rigides, a fortiori s'agissant d'organes "vivants" comme le cerveau, le coeur, le foie... De tel objets peuvent se déformer de manière complexe dans le laps de temps qui sépare deux acquisitions (celui-ci pouvant varier de quelques secondes à plusieurs mois). Si l'on s'intéresse uniquement à la composante rigide du mouvement, celle qui est due à la différence de positionnement de l'objet par rapport au système d'imagerie, on cherche comme précédemment une transformation rigide. Cependant, certaines applications nécessitent de caractériser les déformations propres de l'objet et dans ce cas, la transformation reliant les images devra être recherchée dans un espace beaucoup plus grand que celui des transformations rigides.

3.6.2.1.2 Transformations semi-rigides.

On considère régulièrement dans cette catégorie **deux types** de transformation : les **affines** et les **projectives**. **La première couvre en fait beaucoup de possibilités parmi les transformations rencontrées couramment... dont les rigides qui, nous le verrons, n'en sont qu'un sous-cas.** La seconde regroupent naturellement aussi bien les projections parallèles que les perspectives.

Transformations affines

Une transformation est dite **affine** lorsque **une droite d'une image peut être mise en corrélation avec une droite de l'autre image concernée par la transformation, et lorsque l'alignement, le parallélisme, ainsi que les rapports de longueur et de surface sont conservés.** De telles transformations sont bien adaptées aux objets "stables" dont l'échelle de représentation est inconnue ou incertaine.

Ces transformations affines consistent en **une transformation linéaire⁴⁵ et une translation⁴⁶**, ce qui en trois dimensions se traduit comme suit :

⁴⁵Une transformation *linéaire* se définit par l'équation $X' = A \cdot X$ (que l'on soit en deux, trois ou même quatre dimensions) où A est une matrice quelconque. Ces transformations linéaires peuvent être non seulement rigides et affines mais aussi polynomiales (Cf. Section suivante sur les transformations élastiques).

⁴⁶Six paramètres en 2D et neuf en 3D.

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \\ z' \end{pmatrix} = X' = A \cdot X + T = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix} \text{ où tous les éléments } a_{ij} \text{ sont des réels.}$$

On peut préciser cette équation en décortiquant la matrice quelconque A :

$$X' = A \cdot X + T = A_f \cdot R + T = S_h \cdot S_c \cdot R \cdot X + T \quad \text{où}$$

- tout comme dans le cas rigide, R est une matrice de rotation et T est un vecteur de translation,
- A_f est une matrice représentant une *affinité*,
- S_h est une matrice de *cisaillement*⁴⁷ de la forme $\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ a & 1 & 0 \\ b & c & 1 \end{pmatrix}$,
- et finalement, S_c est une matrice de *facteurs d'échelles (Scaling)* de la forme $\begin{pmatrix} s_x & 0 & 0 \\ 0 & s_y & 0 \\ 0 & 0 & s_z \end{pmatrix}$ où s_x, s_y et s_z ne sont pas nécessairement isotropes⁴⁸ !

De même, il est possible de décomposer la matrice A sous la forme singulière $A = P \cdot \Delta \cdot Q$ où P ainsi que Q sont des matrices orthogonales directes⁴⁹, et où Δ est, quant à elle, une matrice diagonale dont les éléments sont positifs ou nuls.

On peut clôturer nos propos sur les transformations affines en notant que

- la **composition de deux ou plusieurs transformations affines est toujours affine, et vice-versa, toute transformation affine est la composée de transformations affines élémentaires.**
- une transformation rigide est une transformation affine préservant les distances entre les points : dans ce cas, $A = R$.
- cette transformation est **employée pour des recalages de données multimodales**⁵⁰ **ainsi que dans la phase initiale de recalages intersujets.**

⁴⁷Shearing en Anglais.

⁴⁸Dans le cas où ils sont identiques, on parlera d'une *similitude* !

⁴⁹Pour rappel, une matrice M est orthogonale directe si et seulement si $M \cdot M^T = M^T \cdot M = I$.

⁵⁰Vu que bien souvent, les modalités impliquées ont des résolutions différentes.

Transformations projectives

Une transformation sera **projective** si elle **préserve les lignes droites mais, tout au contraire d'une transformation affine, généralement pas le parallélisme entre ces mêmes droites**. Cette classe de transformations est généralement utilisée pour des images acquises avec une caméra et permet de prendre en compte les effets de perspective dus à l'éloignements de l'objet visé. Elles se formalisent assez simplement en trois dimensions:

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \\ z' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} s/w \\ u/w \\ v/w \end{pmatrix} \quad \text{avec} \quad \begin{pmatrix} s \\ u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & a_{14} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & a_{24} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} & a_{34} \\ a_{41} & a_{42} & a_{43} & a_{44} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ z \\ 1 \end{pmatrix}$$

où $(s, u, v, w)^T$ représente des coordonnées homogènes. Dans le cas où la transformation est une

perspective de focale f , notre matrice homogène ressemblera à

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1/f & 1 \end{pmatrix}$$

Signalons que ces transformations projectives sont quasi essentiellement maniées pour coregistrer des images projectives (comme celles de la radiologie classique à rayons x) à des images tomographiques 3D.

3.6.2.1.3 Transformations élastiques

Par défaut, on considère comme **élastiques** toutes les transformations qui ne sont **pas rigides ou semi-rigides**. Dans la catégorie des transformations élastiques, on recouvre **notamment les transformations courbes permettant de faire correspondre une droite avec une courbe**. En trois dimensions, cela donne mathématiquement $(x', y', z') = F(x, y, z)$ où F représente une fonction mettant en correspondance les coordonnées de la première image avec celles de la seconde. Leur nombre de paramètres est variable et généralement important.

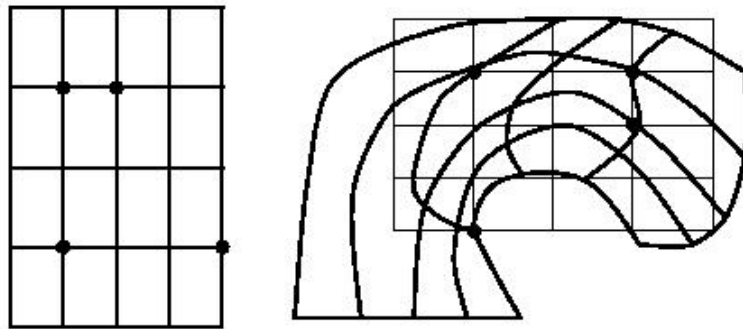


Figure 3.8 - Une transformation trop complexe peut donner des résultats curieux : Ainsi, la mise en correspondance de quatre points qui ont subi une rotation de 90 degrés peut engendrer un résultat absurde si la transformation n'est pas assez contrainte dans sa régularité ([Ouv16]).

Il existe bien d'autres transformations élastiques : entre autres, les transformations **fluides** où les images sont considérées comme des fluides se déformant en s'écoulant.

De telles transformations s'utilisent clairement quand l'une des images doit être déformée pour l'ajuster avec l'autre. Cela se présente lorsque l'on exécute le recalage d'images de patients différents (recalage intersujets), de données d'un patient avec un modèle anatomique d'un atlas,

ou d'objets de forme changeante, non permanente, pris à des moments distincts.

Transformations polynomiales

Une des classes les plus courantes de transformations courbes s'avère être l'ensemble des transformations de type *polynomial*. La **fonction** de transformation est **décrite par un polynôme**, dont le **degré est fixé a priori et détermine la précision ainsi que la difficulté de résolution de la méthode**. Par exemple, en trois dimensions, une fonction polynomiale de degré N s'écrit :

$$\begin{cases} x' = a_{000} + a_{100}x + a_{010}y + a_{001}z + a_{200}x^2 + a_{020}y^2 + a_{002}z^2 + a_{110}xy + a_{101}xz + a_{011}yz + \dots \\ y' = b_{000} + b_{100}x + b_{010}y + b_{001}z + b_{200}x^2 + b_{020}y^2 + b_{002}z^2 + b_{110}xy + b_{101}xz + b_{011}yz + \dots \\ z' = c_{000} + c_{100}x + c_{010}y + c_{001}z + c_{200}x^2 + c_{020}y^2 + c_{002}z^2 + c_{110}xy + c_{101}xz + c_{011}yz + \dots \end{cases}$$

c-à-d

$$\begin{cases} x' = \sum_{i=0}^N \sum_{j=0}^{N-i} \sum_{k=0}^{N-i-j} a_{ijk} \cdot x^i y^j z^k \\ y' = \sum_{i=0}^N \sum_{j=0}^{N-i} \sum_{k=0}^{N-i-j} b_{ijk} \cdot x^i y^j z^k \\ z' = \sum_{i=0}^N \sum_{j=0}^{N-i} \sum_{k=0}^{N-i-j} c_{ijk} \cdot x^i y^j z^k \end{cases}$$

Notons aussi que

- pour $N = 1$, nous retrouvons le cas des transformations affines;
- pour $N > 4$, le polynôme a tendance à se comporter de manière oscillatoire;
- ces transformations servent essentiellement à **modéliser les défauts élastiques globaux, et non les locaux** (surtout si l'ordre N choisi est faible);
- la **composée de deux transformations polynomiales n'est généralement pas une transformation polynomiale** (ou du moins pas du même ordre);

- et finalement, pour une transformation polynomiale 2D d'ordre N $\begin{cases} x' = \sum_{i=0}^N \sum_{j=0}^{N-i} a_{ij} \cdot x^i y^j \\ y' = \sum_{i=0}^N \sum_{j=0}^{N-i} b_{ij} \cdot x^i y^j \end{cases}$, il

faut au minimum $K = \frac{(N+1).(N+2)}{2}$ couples de points pour définir de manière unique les coefficients a_{ij} et b_{ij} .

Transformations locales paramétriques

Les classes de transformation que nous avons évoquées jusqu'ici sont souvent qualifiées de **globales** dans la mesure où les **variations de volume qu'elles autorisent sont soit nulles⁵¹, soit constantes dans l'espace**. De ce fait, elles ne permettent pas de modéliser convenablement les déformations complexes d'un ensemble de tissus ou les distorsions géométriques inhérentes à certaines modalités d'acquisition.

⁵¹ Cas des transformations rigides.

On conçoit intuitivement que **des transformations d'ordre plus général** pourront être **obtenues en perturbant localement la composante globale du mouvement**. Les coordonnées de la déformation résiduelle peuvent être modélisées comme des combinaisons linéaires de fonctions élémentaires :

$$\text{Transf}(x) = A.x + t + \sum_{p=1}^P c_p (x - x_p) \text{ où}$$

- A est une matrice quelconque 3×3 , x un vecteur colonne 3×1 représentant un point et t est un vecteur colonne de translation;
- les paramètres c_p sont des vecteurs 3×1 à déterminer⁵²;
- et enfin, les positions x_p désignent des points de contrôle qui peuvent être fixés ou non.

Remarque

Le recalage rigide des images 2D est un travail qui doit pouvoir se faire quasiment en temps réel alors que ce n'est encore absolument pas envisageable pour des images 3D, et encore moins pour ce qui concerne le recalage élastique.

3.6.3 La fonctionnelle d'appariement

Lorsque l'on veut créer un algorithme de coregistration, nous avons deux possibilités. **Soit** exécuter un *algorithme déterministe* qui, **après analyse des images à coregistrer, calcule directement les paramètres identifiés de la transformation qui recalera les images**. **Soit** réaliser un *algorithme itératif* qui **recherchera au fur et à mesure les paramètres du recalage en minimisant une fonction estimant la différence entre les deux images** (on parle également de "*distance entre images*"), **ou en maximisant une fonction relative à la similarité des images**⁵³. C'est précisément cette notion de **fonction (ou mesure) de similarité, définissant le critère objectif (ou coût) utilisé pour estimer la qualité du recalage entre les deux images**, que nous appelons la **fonctionnelle d'appariement**.

Cette fonction de similarité sur laquelle s'appuie les méthodes de recalage **varie selon les primitives utilisées**. Il en existe aujourd'hui un **dictionnaire dans lequel le concepteur d'un programme de recalage peut puiser, en se fiant le plus souvent à son intuition et à son expérience, celle qui est la mieux adaptée à son problème particulier**. Notre objectif n'est évidemment pas de les recenser... mais citons quand même les plus utilisées : le *comptage des changements de signe*, le *coefficient de corrélation*, la *fonction d'inter-corrélation normalisée*, la *somme des différences absolues d'intensité*, ou encore la *distance euclidienne*.

Détailler longuement cette notion de fonctionnelle n'est pas le but de ce travail. Précisons néanmoins que le *principe général* consiste souvent dans le cas le plus simple à *prendre un certain nombre de points de référence sur une des deux images, puis de calculer leur distance par rapport à des points de l'autre image situés sur des surfaces ou des contours détectés lors d'une présegmentation*. Après avoir établi la distance entre ces points, il s'agit alors de *définir une "distance globale" entre les deux images*. Nous verrons par la suite que cette distance globale passera alors par un processus d'optimisation par application d'un algorithme dédié.

⁵² Un jeu de paramètres pour chaque coordonnée.

⁵³ C'est d'ailleurs ce point de vue qui a été présenté dans la définition de la coregistration.

3.6.3.1 Cas des algorithmes déterministes

On trouve dans la littérature quelques méthodes de coregistration utilisant des algorithmes déterministes. Ces algorithmes sont néanmoins assez rares⁵⁴. Dans le cadre de tels algorithmes, **la fonctionnelle d'appariement ne dirige pas**, comme dans le cas des algorithmes itératifs, **une exploration d'un espace de recherche : elle constitue seulement une fonction mesurant la qualité intrinsèque du recalage final**⁵⁵.

3.6.3.2 Cas des algorithmes itératifs

Dans le cadre d'un algorithme itératif⁵⁶, la philosophie est de **mettre en œuvre une fonctionnelle permettant d'orienter la recherche au fil des itérations**. Le **choix de la fonctionnelle** en question **est très important : de celui-ci dépend, d'une part, la qualité du recalage et d'autre part, la vitesse de convergence de l'algorithme vers une solution optimale globale ou locale**.

Le plus souvent, on regroupe les *fonctionnelles* de ce genre d'algorithmes en *quatre catégories* : elles sont basées soit sur la notion de **corrélation**, soit sur celle de **distance**, soit sur la **théorie de l'information**, soit encore sur les concepts de **modèles déformables** et de **démons**.

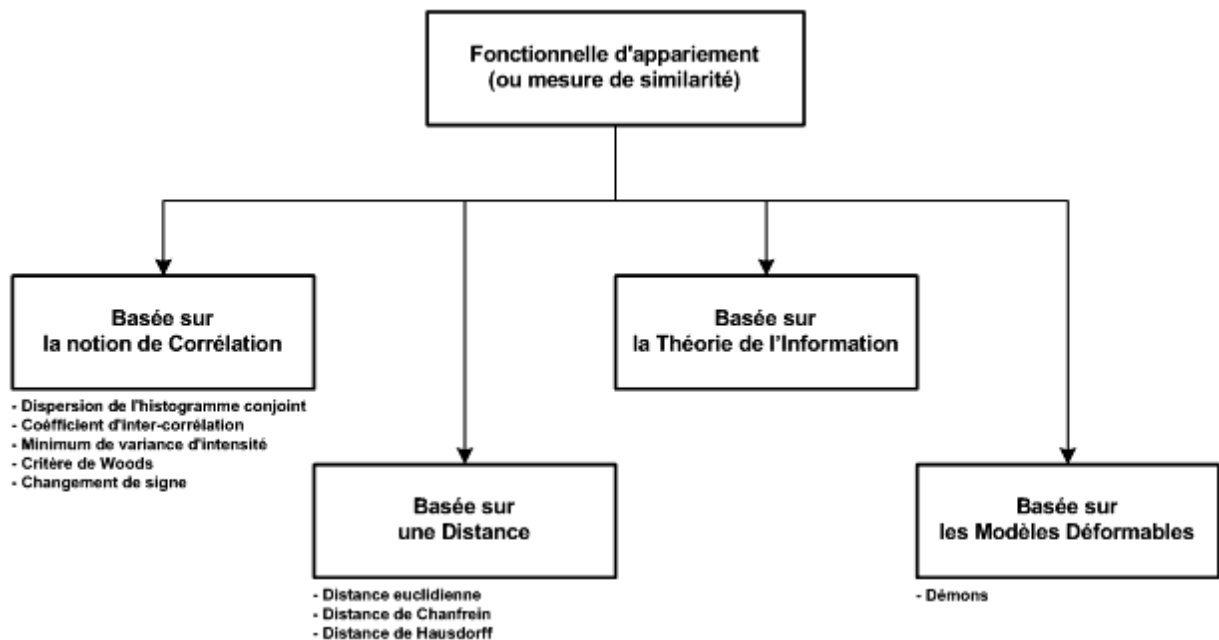


Figure 3.9 - Classification des différentes fonctionnelles d'appariement utilisées pour trouver les paramètres optimaux de la transformation et pour estimer la qualité du recalage.

Ci-dessous, pour illustrer nos propos et ce, dans un soucis de concision, nous ne présenterons d'abord que les idées générales sur ces fonctionnelles, puis ne détaillerons que quelques-unes parmi les plus originales.

⁵⁴ Citons notamment l'exemple d'un algorithme de D. L. G. HILL reposant sur la donnée d'un ensemble de "marqueurs extrinsèques" sur les images à recalcer.

⁵⁵ Notons qu'on use de telles méthodes lorsque l'on dispose d'informations restreintes et clairessemées (ex. : des petits ensembles de points). C'est notamment le cas lorsque l'on a des caractéristiques extrinsèques (on en a parlé plus haut).

⁵⁶ Ce que l'on rencontre couramment.

3.6.3.2.1 Les Fonctionnelles basée sur la notion de corrélation

Étant donné que le but de la fonctionnelle est en général de mesurer la similarité entre deux images⁵⁷, la première chose à laquelle on pense est de calculer la "cross-correlation" directement sur les niveaux de gris de l'image. On trouve également dans la littérature quelques algorithmes utilisant non pas la corrélation des niveaux de gris mais la corrélation de caractéristiques géométriques. Nous nous contenterons d'en exposer un cas particulier : celui de la corrélation d'images binarisées.

La corrélation sur les niveaux de gris

Une mesure de similitude entre deux images peut être la mesure de la corrélation entre ces images selon la formule suivante, où $f(x,y,z)$ (respectivement $g(x,y,z)$) désigne la valeur du niveau de gris de l'image f (respectivement g) au point de coordonnées (x,y,z) :

$$R^2 = \frac{(\sum f(x,y,z) \cdot g(x,y,z))^2}{(\sum f^2(x,y,z))(\sum g^2(x,y,z))}$$

Plus la corrélation entre deux images (ou seulement deux régions des images) **est élevée et plus les images** (ou les régions) **seront similaires**. Notons que nous n'avons pas une distance au sens strict du terme⁵⁸ mais une fonction affine d'une fonction distance.

L'article [Pub35] compare différentes mesures de similarité à partir des niveaux de gris de deux images médicales 3D (une première image $p(x,y,z)$ de modalité TEP, et une deuxième $m(x,y,z)$ obtenue par résonance magnétique). Nous avons :

Le coefficient d'inter-corrélation γ

Il est normalisé en fonction du volume de recouvrement (partie a priori commune aux deux images, choisie pour la mesure de la qualité du recalage) des deux images 3D et de l'intensité moyenne des images sur le volume de recouvrement.

$$\gamma = \frac{\sum_{x,y,z} [p(x,y,z) - \tilde{p}][m(x,y,z) - \tilde{m}]}{\sqrt{\sum_{x,y,z} [p(x,y,z) - \tilde{p}]^2 \cdot \sum_{x,y,z} [m(x,y,z) - \tilde{m}]^2}},$$

où \tilde{p} et \tilde{m} représentent l'intensité moyenne des images TEP et IRM sur le volume de recouvrement. En terme de distribution 2D d'intensités de voxels, cette expression se ramène alors à :

$$\gamma = \frac{\sum_{m,p} (m - \tilde{m}) \cdot (p - \tilde{p}) \cdot h(m,p)}{\sqrt{\sum_{m,p} h(m,p) \cdot (p - \tilde{p})^2} \cdot \sqrt{\sum_{m,p} h(m,p) \cdot (m - \tilde{m})^2}},$$

où $h(m,p)$ est le nombre de voxels ayant respectivement comme valeur m et p dans les deux modalités et se correspondant mutuellement à l'intérieur du volume de recouvrement. $h(m,p)$ est donc un histogramme 2D. Lorsque les deux images sont recalées, γ est maximal. Notons que γ ne dépend pas du nombre de voxels de recouvrement mais nécessite une certaine corrélation des intensités des voxels

⁵⁷ Une image de référence et la transformée d'une image à recalier.

⁵⁸ Pour la définition mathématique d'une distance, nous vous invitons à consulter les annexes.

d'une modalité à une autre, ce qui est en général le cas puisque les appareils imageurs ne font que rendre compte des réalités physiques.

Le minimum de variance d'intensité

Cette mesure est proposée par WOODS dans l'article [Pub21]. Elle considère que pour une intensité donnée dans l'image IRM le nombre d'intensités correspondant point à point dans l'image TEP doit être minimal au recalage optimal.

Si $\tilde{p}(m)$ est la valeur moyenne des points de l'image TEP correspondant aux intensités m de l'image IRM, et $\sigma_p(m)$ est l'écart-type pour les mêmes points, l'écart-type normalisé des valeurs TEP correspondant à une valeur m de l'IRM est $\sigma'_p(m) = \sigma_p(m) / \tilde{p}(m)$, ce qui, en terme de distribution 2D d'intensité de voxels donne :

$$\sigma'_p(m) = \frac{1}{\tilde{p}(m)} \cdot \sqrt{\frac{\sum_p h(m, p) \cdot (p - \tilde{p}(m))^2}{\sum_p h(m, p)}}.$$

Cette valeur est minimale lorsque les images sont parfaitement corrélées. Une somme pondérée de cet écart-type normalisé sur toutes les intensités IRM est alors une mesure de similarité sur le volume de recouvrement :

$$\sigma_p'' = \sum_m \left[\sigma'_p(m) \cdot \frac{\sum_p h(m, p)}{V} \right]$$

où $V = \sum_{m,p} h(m, p)$ est le nombre de voxels dans le volume de recouvrement.

La pondération assure que la mesure de similarité est surtout influencée par la variance des valeurs de l'image TEP pour les valeurs les plus courantes de l'image IRM.

Entropie de l'histogramme 2D.

Enfin, la dernière mesure étudiée à l'article [Pub35] est l'entropie de l'histogramme 2D qui mesure la stochasticité de la distribution et est définie de la manière suivante :

$$E = - \sum_{m,p} \frac{h(m, p)}{V} \cdot \log \left(\frac{h(m, p)}{V} \right)$$

Cette mesure normalisée sur le volume de recouvrement doit être minimisée pour obtenir le recalage optimal.

Dans le cadre de la recherche d'un recalage rigide entre images cérébrales 3D, on retient que la corrélation γ est en général une mesure peu efficace, car très gourmande en temps de calcul. La maximisation de l'entropie de l'histogramme 2D a donné également des résultats fort peu satisfaisants. Par contre, la minimisation de la variance des correspondances entre intensités a procuré les résultats les plus intéressants.

La corrélation sur des caractéristiques géométriques

Un cas particulier de l'extraction de caractéristiques géométriques est la transformation des images médicales en images binaires. Cette binarisation ne sera pas un simple seuillage de l'image mais plus une segmentation qui permettra d'en faire ressortir des éléments caractéristiques (surtout les contours, ou les lignes de crêtes). Une image binaire sera donc composée d'un ensemble de points ayant chacun deux valeurs possibles. Une non nulle pour les points faisant partie des objets, et zéro partout ailleurs.

Disposant des images binarisées, les calculs de "*distance entre images*" sont alors simplifiés. La corrélation par exemple se traduit par une simple multiplication point à point suivi d'un comptage des points actifs⁵⁹. Considérons f et g comme étant deux images binaires représentant les contours d'un même objet calculés à partir d'une image à recaler et d'une image de référence. La qualité $c(T)$ de la transformation T envisagée pourra alors être donnée par la formule suivante :

$$c(T) = \sum_{(x, y, z) \in D_f} f(x, y, z) \cdot g(T(x, y, z))$$

3.6.3.2.2 Les fonctionnelles basées sur la notion de distance

Étant donné que l'extraction de caractéristiques géométriques (amers, courbes, surfaces) est la méthode la plus couramment utilisée, **beaucoup de problèmes de recalage se résument à la minimisation d'une distance entre des objets géométriques**. Pour ce faire, on introduit souvent la notion de **distance euclidienne**, ou d'**approximation de distance euclidienne, entre les objets géométriques**.

Distance euclidienne sur une série de points

Lorsque l'on travaille avec des informations extrinsèques comme les marqueurs cutanés, des cadres ou des masques, ceux-ci présentent des points particuliers en général facilement repérables sur les images. La mesure de distance revient alors à effectuer des mesures uniquement sur ces points. On peut ainsi définir une distance euclidienne entre la transformée de ces points et leur position réelle sur l'image. Par exemple, si nous disposons de N marqueurs cutanés de coordonnées X_i sur l'image de référence et Y_i sur l'image à recaler, et si T désigne la fonction de transformation de l'image à recaler vers l'image de référence alors le carré de la distance D peut s'exprimer de la manière suivante :

$$D^2 = \sum_{i=1}^N (X_i - T(Y_i))^t \cdot (X_i - T(Y_i)) \text{ avec } X_i = (x_i, y_i, z_i)^t$$

Cette méthode peut également s'appliquer dans le cas où l'utilisateur désigne interactivement une série de points sur une image et leur correspondant sur une autre image. Le principal inconvénient est que la saisie manuelle de la position des points sur les images ajoute une imprécision supplémentaire, et rend le recalage moins performant.

⁵⁹ Points de valeur non nulle.

3.6.3.2.3 Les fonctionnelles basées sur la théorie de l'information⁶⁰

Nous présentons plus particulièrement dans cette section les travaux de recherche effectués par William M. WELLS, Hideki ATSUMI, Shin NAKAJIMA, Ron KIKINIS⁶¹ et Paul VIOLA⁶². Leur technique de recalage est une maximisation stochastique de l'information mutuelle entre différentes modalités (voir référence [Pub40])⁶³.

L'idée de base est la suivante : considérons le problème du recalage de deux images issues de la même modalité (disons deux images IRM) et de la même personne. Quand ces deux images sont parfaitement alignées, les signaux doivent être identiques. Une mesure simple de la qualité d'un recalage hypothétique est la somme quadratique des différences voxel à voxel. Cette mesure peut s'expliquer d'un point de vue probabiliste. Si les images IRM sont entachées d'un bruit gaussien, de distribution uniforme et indépendante entre les deux images, alors la somme quadratique des différences voxel à voxel est directement proportionnelle à la probabilité que les deux images soient correctement recalées. Malheureusement, cette opération ne peut s'appliquer directement au cas de la multimodalité. Même lorsqu'elles sont parfaitement recalées, des images IRM et scanner d'un même individu sont assez différentes. C'est justement ce qui fait que la conjonction de ces images est intéressante d'un point de vue biologique.

Cependant les **images IRM et scanner** ne sont **pas totalement indépendantes**, aussi **il est possible d'imaginer qu'avec beaucoup d'expérience on puisse construire une fonction $F(.)$ qui soit capable de prédire (ou tout du moins d'approximer) la valeur d'un voxel dans une modalité connaissant son correspondant dans l'autre modalité**. À partir de cette fonction F , il est alors possible d'évaluer un recalage comme dans le cas de la monomodalité en comparant $F(IRM)$ et l'image scanner par exemple. Mais même si théoriquement il est possible de trouver une telle fonction F et de l'utiliser de cette manière, en pratique c'est un problème très difficile et sous-déterminé, et **c'est pourquoi on essaie de quantifier une information mutuelle a posteriori entre les images, plutôt que d'essayer de trouver la relation F a priori**.

Étant donné qu'une image IRM et une image scanner sont corrélées, il existe une information mutuelle entre ces deux modalités. La **méthode proposée** par l'équipe de *Harvard* est de **trouver et d'utiliser une fonction F en se servant directement de l'information mutuelle qui existe entre les images**. Une telle technique essaye donc de trouver le recalage en maximisant l'information qu'une image volumétrique donne à propos de l'autre image. La technique proposée ne requiert pas de connaissance a priori sur la relation entre les modalités, elle considère seulement qu'un volume donne le plus d'information sur l'autre volume lorsqu'ils sont recalés.

Mentionnons enfin que l'information mutuelle est définie en terme d'entropie, dont une approximation est calculée de manière stochastique. La méthode d'optimisation utilisée ensuite pour rechercher le minimum global de l'entropie, correspondant à un maximum global de l'information mutuelle est une *descente de gradient stochastique*⁶⁴.

En voici les principes mathématiques : Étant données une image de référence f et une image à recalculer g , désignons par T la transformation recherchée permettant de faire correspondre chaque point de g avec son homologue sur f . La transformation optimale \hat{T} est obtenue en maximisant l'information mutuelle I entre f et $g \circ T$, c-à-d $T(g)$.

⁶⁰ On parle d'*information mutuelle*.

⁶¹ Tous de la "*Harvard Medical School*".

⁶² Il fait partie du MIT ("*Massachusetts Institute of Technology*")... tout comme William M. WELLS.

⁶³ L'équipe de recherche de William M. WELLS et Paul VIOLA n'est pas la seule à avoir utilisé la théorie de l'information pour effectuer des recalages. On peut noter par exemple dans le domaine médical les articles de NIKOU [Pub41] et de STUDHOLME [Pub35], et les articles [Pub43, Pub44, Pub45] de COLLIGNON.

⁶⁴ Cf. la partie sur les procédures d'optimisation.

$$\hat{T} = \arg \max_T I(f(x, y, z), g(T(x, y, z)))$$

L'information mutuelle I de deux variables aléatoires est définie comme étant relative à la somme des entropies individuelles de chacune des variables aléatoires, moins l'entropie conjointe du couple de variables :

$$I(f(x, y, z), g \circ T(x, y, z)) \equiv h(f(x, y, z)) + h(g \circ T(x, y, z)) - h(f(x, y, z), g \circ T(x, y, z))$$

$h(\cdot)$ est l'entropie d'une variable aléatoire définie par $h(x) \equiv -\int p(x) \ln p(x) dx$ tandis que $h(\cdot, \cdot)$ est l'entropie conjointe de deux variables aléatoires x et y , qui s'exprime de la façon suivante : $h(x, y) \equiv -\int p(x, y) \ln p(x, y) dx dy$.

La densité de probabilité $p(z)$ est approximée par la formule de PARZEN $p(z) \approx P^*(z) = \frac{1}{N_A} \sum_{z_j \in A} R(z - z_j)$ où A est un échantillon de N_A éléments de z et R est une fonction "porte" de largeur unité.

En pratique, on lui préfère une fonction de densité gaussienne⁶⁵; ce qui simplifie l'étude, mais n'est pas obligatoire⁶⁶ :

$$G_\varphi(z) \equiv (2\pi)^{-\frac{n}{2}} \cdot |\varphi|^{-\frac{1}{2}} \cdot \exp\left(-\frac{1}{2} z^T \varphi^{-1} z\right)$$

D'autre part, l'expression de l'entropie est difficilement utilisable sous sa forme intégrale, aussi l'approximation suivante est utilisée :

$$h(z) \approx -E_z[\ln P^*(z)] = -\int \ln P^*(z) dz \approx -\frac{1}{N_B} \sum_{z_i \in B} \ln P^*(z_i)$$

où N_B est la taille d'un second échantillon B . La moyenne de l'échantillon converge vers la vraie espérance à un taux proportionnel à $1/\sqrt{N_B}$. La dernière étape consiste à établir une expression de $\frac{d}{dT} I(T)$.

En supposant que la matrice de covariance φ_w des fonctions de PARZEN multidimensionnelles est une matrice diagonale, $\varphi_w = \text{DIAG}(\varphi_{ff}, \varphi_{gg})$ où DIAG désigne la construction d'une matrice diagonale à partir d'une liste d'éléments, on obtient :

$$\frac{d(I(T))}{dT} = \frac{1}{N_B} \cdot \sum_{x_i \in B} \sum_{x_j \in A} (g_i - g_j)^T \left[W_g(g_i, g_j) \varphi_{gg}^{-1} - W_w(w_i, w_j) \right] \cdot \frac{d}{dT} (g_i - g_j)$$

$$\text{avec } W_g(g_i, g_j) \equiv \frac{G_{\varphi_v}(g_i - g_j)}{\sum_{x_k \in A} G_{\varphi_v}(g_i - g_k)}, \quad W_w(w_i, w_j) \equiv \frac{G_{\varphi_w}(w_i - w_j)}{\sum_{x_k \in A} G_{\varphi_w}(w_i - w_k)},$$

⁶⁵ Voir ci-dessous l'expression de $G_\varphi(z)$, où φ est la matrice de covariance.

⁶⁶ Notons que n'importe quelle fonction différentiable aurait pu être utilisée.

$$f_i \equiv f(x_i), g_i \equiv g(T(x_i)) \text{ et } w_i \equiv [f_i, g_i]^T$$

Disposant maintenant d'une approximation de la variation de l'information mutuelle en fonction de ses paramètres, la recherche du maximum local de l'information mutuelle se fait en utilisant un analogue stochastique de la descente de gradient.

Répéter

$$A \leftarrow \{N_A \text{ échantillons de } x\}$$

$$B \leftarrow \{N_B \text{ échantillons de } x\}$$

$$T \leftarrow T + \lambda \frac{d(I(T))}{dT}$$

Le paramètre λ est le *taux d'apprentissage*. La précédente procédure est répétée un nombre de fois fixé préalablement ou bien jusqu'à ce que la convergence soit détectée. Il faut cependant prendre certaines précautions dans l'utilisation d'une telle procédure. Si l'on voulait par exemple trouver la meilleure rotation en utilisant la notation matricielle T , il faudrait veiller à ce que $T + \lambda \frac{d(I(T))}{dT}$ reste une matrice de rotation.

3.6.3.2.4 Les fonctionnelles basées sur les modèles déformables et la notion de démons

Nous mentionnons ici l'approche originale des travaux effectués au sein de l'équipe de recherche EPIDAURE de l'INRIA⁶⁷, et menés par Jean-Philippe THIRION et Nicolas AYACHE. Ces études ont porté sur une méthode rapide de **recalage non rigide d'images médicales basées sur les modèles déformables**. Ce qui différencie essentiellement les travaux de cette équipe par rapport aux autres est l'utilisation de "**démons**"⁶⁸, **qui déforment localement le modèle pour le faire tenir dans un moule, contrairement aux techniques plus traditionnelles basées sur des "attracteurs"**.

Le fonctionnement des démons

Afin de décrire la méthode des démons développée à l'INRIA, nous allons tout d'abord envisager le cas du recalage en 2D d'un objet aux contours bien délimités. **Le modèle déformable est un contour dont différents échantillons (points) sont connus.**

Dans le cas des méthodes classiques de recalage non rigide utilisant des attracteurs^{69et70}, **ces points échantillonnés sont attirés par des points caractéristiques de la scène** (qui sont **ici les points du contour de l'objet**). Les forces d'attraction peuvent être calculées simplement à partir d'une fonction "*distance aux plus proches points de la scène*", ou bien à partir de considérations plus évoluées comme la mesure de similarité de courbures. **Dans le cas des démons, il est nécessaire de connaître en plus du contour de l'objet son orientation locale**⁷¹, et ceci à la fois pour le modèle et pour la scène.

⁶⁷ Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique.

⁶⁸ Nous verrons plus tard d'où provient ce terme.

⁶⁹ Voir la figure 3.10.

⁷⁰ C-à-d des méthodes où on fait appel à un *compromis entre l'action de forces intérieures* (tenant compte de la rigidité du modèle) et *celles des forces extérieures* (les attracteurs entre caractéristiques similaires).

⁷¹ Afin de pouvoir décider de quel côté se situe l'intérieur et l'extérieur de l'objet.

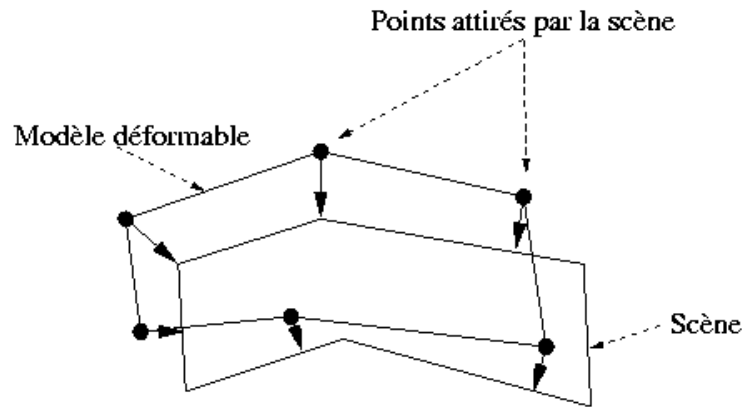


Figure 3.10 - Modèle déformable et attracteurs ([Ouv23]).

Donc, dans ce cas, **le contour de l'objet (dans la scène) est échantillonné en un certain nombre de points, tous associés à une orientation et à un démon spécifiques**. Cette dernière entité se rapporte aux **démons de MAXWELL**, introduits en physique pour modéliser l'idée paradoxale qu'une membrane semi-perméable pourrait violer le "*second principe de la thermodynamique*" ⁷². Situés dans cette membrane, ces démons sont supposés trier localement deux différentes sortes de molécules provenant d'un mélange gazeux, produisant alors une diminution du désordre, et par conséquent une diminution d'entropie. La clé de ce paradoxe fut fournie par LÉON BRILLOUIN, s'inspirant d'un travail antérieur de SZILLAR : il démontra que l'exercice de ses fonctions cognitives par le démon devait nécessairement consommer une certaine quantité d'énergie qui, dans le bilan de l'opération, compensait précisément la diminution d'entropie du système.

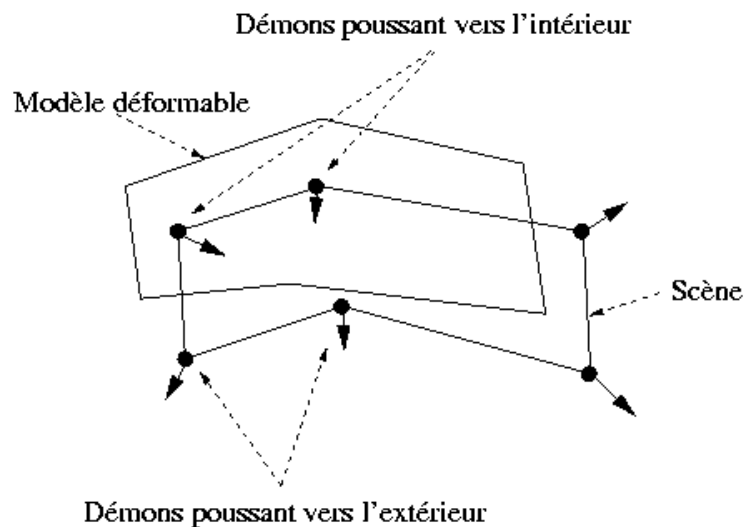


Figure 3.11 – Modèle déformable et démons ([Ouv23]).

Par analogie avec les démons de Maxwell triant les molécules de gaz, **les démons utilisés**

⁷² Rappelons succinctement ce qu'est le *second principe de la thermodynamique*. Dans sa première tournure formulée par CLAUSIUS en 1850 comme généralisation du *théorème de CARNOT*, le second principe prévoit que, **dans une enceinte énergétiquement isolée, toutes les différences de température doivent tendre à s'annuler spontanément**. Dans une deuxième signifiant exactement la même chose, le principe stipule qu'*au sein d'une pareille enceinte où la température serait uniforme, il est impossible que surviennent des différences de potentiel thermique entre diverses régions du système*. Or, dans une enceinte à température uniforme où ne subsiste plus aucune différence de potentiel, aucun phénomène macroscopique ne peut advenir : le système est et reste *inerte*. C'est dans ce sens que l'on affirme que le second principe prédit la dégradation inéluctable de l'énergie au sein d'un système isolé tel que l'univers. L' "*entropie*" est **la quantité thermodynamique qui mesure le niveau de dégradation de l'énergie d'un système**. Par conséquent, **selon le second principe, tout phénomène, quel qu'il soit, s'accompagne nécessairement d'un accroissement d'entropie au sein du système où il se déroule**.

pour recalcr nos images agissent localement pour pousser le modèle déformable dans la direction normale au contour de la scène, et ce déplacement se voit orienté en fonction de la nature intérieure ou extérieure de l'estimée du point dans le modèle. Si le point est à l'intérieur du modèle, le point correspondant du modèle sera poussé vers l'intérieur, et vice versa⁷³. Intuitivement, cela revient à pousser le contenu du modèle à l'intérieur de l'objet, et le reste à l'extérieur. En d'autres termes, cela revient à trier les points intérieurs et extérieurs du modèle.

Une comparaison entre une méthode basée sur les attracteurs et une autre sur les démons est donnée ci-dessous.

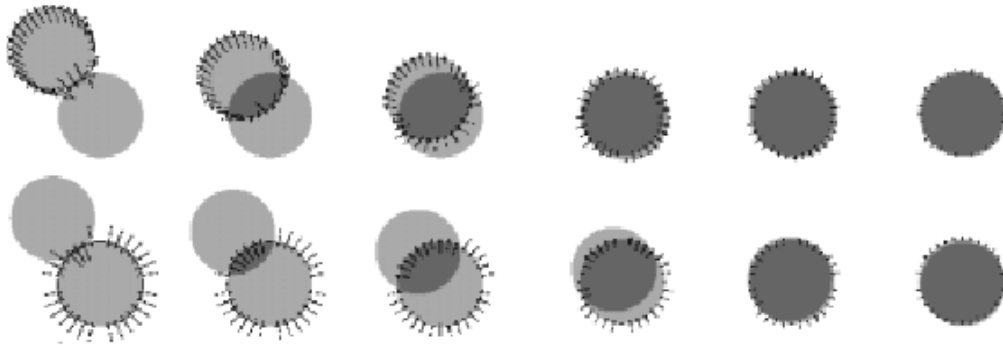


Figure 3.12 - Comparaison sur six itérations de la convergence d'un algorithme fondé sur les attracteurs (en haut) et d'un autre utilisant les démons (en bas) ([Ouv23]).

Le recalage consiste en un **recalage rigide entre deux disques**. Pour le cas des attracteurs (méthode globale, ligne du haut), les forces ont pour origine le modèle déformable⁷⁴, et sont dirigées vers le point le plus près du disque fixe. Pour la méthode utilisant les démons (méthode locale, ligne du bas), les forces ont pour origine la frontière de la scène (le disque fixe), et sont orientées vers l'intérieur ou vers l'extérieur de ce disque selon que les points en correspondance sont à l'intérieur ou à l'extérieur du modèle.

Remarquons que **pour les deux méthodes, l'intensité des forces décroît régulièrement**. Notons aussi que **la direction des forces est différente**, ce qui montre que les deux méthodes sont bien distinctes, et que cette différence n'est pas due à un changement du système de référence. Il est très important également de percevoir que **la méthode basée sur les attracteurs nécessite le calcul des "points les plus proches"**, ce qui n'est absolument **pas nécessaire dans la méthode utilisant les démons**, mais **en contrepartie, les démons doivent estimer l'intérieur et l'extérieur de l'objet, chose parfaitement inutile dans le cadre des attracteurs**. La généralisation de cette méthode 2D au cas 3D est bien entendue réalisée par l'utilisation de démons, répartis sur toute la surface des objets, déformant le modèle dans une direction orthogonale à cette surface.

Modélisation mathématique des démons

Voyons désormais dans le cadre de l'imagerie médicale comment ont été modélisés mathématiquement les démons. Pour les images médicales, les contours d'intensités constantes sont très souvent liés aux formes des objets. Désignons par f (respectivement g) les fonctions 3D représentant l'image d'intensité de la scène et celle du modèle. Nous associons un démon à chaque voxel P de f aux endroits où le gradient $|\nabla f|$ n'est pas nul. Une surface de niveau dont l'équation implicite est $f = f(P)$, et dont la normale orientée est le vecteur $\nabla f(P)$, passe par ce voxel P . Le démon situé en P pousse l'image modèle dans la direction $\nabla f(P)$ si $f(P) < g(P)$ et dans la direction $-\nabla f(P)$ si $f(P) > g(P)$. C'est ainsi qu'une grille 3D complète de démons agit pour déformer le modèle.

⁷³ Voir la figure 3.11 ci-dessus.

⁷⁴ Le disque qui se déplace.

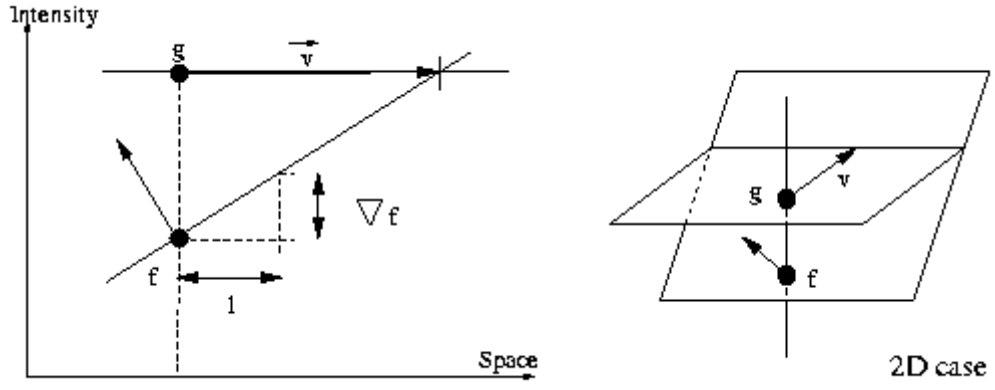


Figure 3.13 - Le modèle g est poussé (\vec{v}) par le démon dans la direction $\vec{\nabla}f(P)$ si $f(P) < g(P)$ et dans la direction $-\vec{\nabla}f(P)$ si $f(P) > g(P)$ ([Ouv23]).

Pour être encore un peu plus précis, prenons l'hypothèse de la *conservation de l'intensité* des points à déplacer (i.e. $i(x(t), y(t), z(t)) = \text{Const}$). En dérivant cette équation nous obtenons : $\frac{\partial i}{\partial x} \cdot \frac{\partial x}{\partial t} + \frac{\partial i}{\partial y} \cdot \frac{\partial y}{\partial t} + \frac{\partial i}{\partial z} \cdot \frac{\partial z}{\partial t} = -\frac{\partial i}{\partial t}$, ou alors $\vec{\nabla}i \cdot \vec{v} + \frac{\partial i}{\partial t} = 0$.

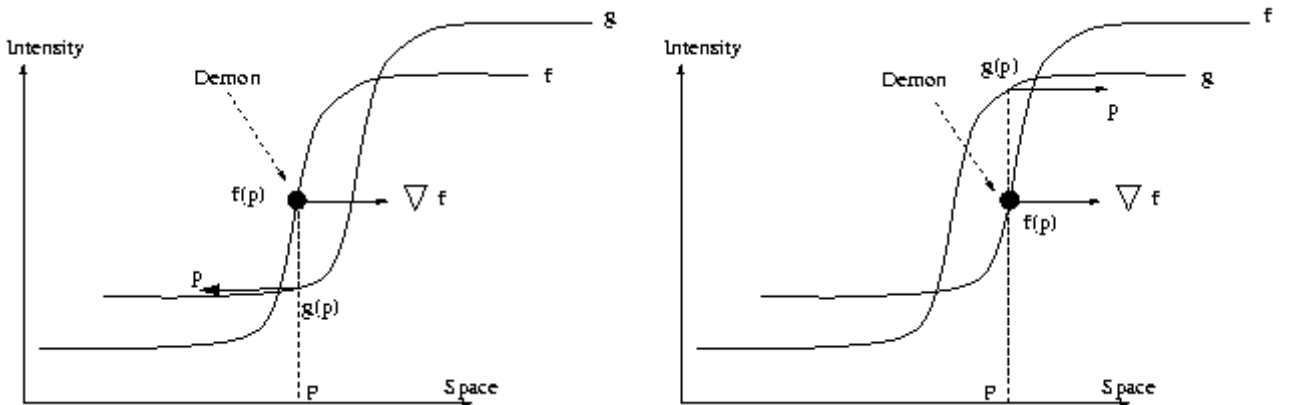
Nous avons uniquement deux images f et g à comparer, et nous recherchons le déplacement \vec{v} qui amène g le plus proche possible de f , aussi nous considérons que f et g sont séparés par une unité de temps : $\frac{\partial i}{\partial t} = f - g$, et $\vec{v} = \left(\frac{dx}{dt}, \frac{dy}{dt}, \frac{dz}{dt} \right)$ est la vitesse instantanée de g à f .

En conclusion : $\vec{v} \cdot \vec{\nabla}f = g - f$.

Cependant, cette équation ne suffit pas à calculer \vec{v} localement. Nous utilisons alors la méthode décrite ci-après.

Figure 3.14 - Vitesse instantanée de g à f ([Ouv23]).

Une approximation au premier ordre de la surface d'intensité passant par le point P en f est un



hyperplan $(P, f(P))$ ayant pour normale $(-\vec{\nabla}f(P), 1)$. L'équation $\vec{v} \cdot \vec{\nabla}f = g - f$ implique que l'extrémité du vecteur \vec{v} coïncide avec l'intersection de cet hyperplan et du plan horizontal passant par $(P, f(P))$. Sans aucune autre information, il est naturel de choisir pour \vec{v} le point le plus proche de P dont l'équation est :

$$\vec{r}_v = \frac{(g - f) \cdot \vec{\nabla} f}{\|\vec{\nabla} f\|^2}$$

Intuitivement, c'est la plus petite translation amenant le point $g(P)$ sur l'hyperplan $(P, f(P))$ ayant pour normale $(-\vec{\nabla} f(P), 1)$, ce qui fait que g est localement proche de f . Pour nos démons, nous pourrions prendre comme force "poussante" \vec{r}_p ce vecteur vitesse \vec{r}_v , ce qui correspond bien au critère d'orientation que nous avons mentionné au début.

Cependant, cette équation devient instable lorsque la norme du gradient est faible. Dans un pareil cas, une faible variation de l'intensité pourrait rejeter l'extrémité de \vec{r}_v à l'infini, dans n'importe quelle direction, ce qui est loin de l'effet désiré, d'où l'idée de multiplier par un coefficient correctif $\|\vec{\nabla} f\|^2 / (\|\vec{\nabla} f\|^2 + k^2)$ où k est une constante dépendant du contraste de l'image. Afin d'éviter de rajouter un nouveau paramètre au problème, on préfère choisir pour k la valeur $(g - f)$, ce qui produira le même effet de limitation sur l'intensité des forces. En résumé, la force "poussante" \vec{r}_p associée à un démon est donc donnée par la formule suivante :

$$\vec{r}_p = \frac{(g - f) \cdot \vec{\nabla} f}{\|\vec{\nabla} f\|^2 + (g - f)^2}$$

On pourrait trouver des expressions plus complexes pour les forces exercées par les démons, afin de leur donner un comportement encore plus stable face aux irrégularités que l'on peut rencontrer dans les images⁷⁵. Néanmoins, il faut faire un compromis entre une expression compliquée et robuste, et une expression moins robuste mais beaucoup plus rapide. D'autres expressions possibles sont détaillées dans l'article [Pub45].

L'implémentation des démons

Nous disposons bien sûr des deux images 3D, la scène f et le modèle g . A chaque itération i du processus, g_i est l'image g déformée par la transformation courante T_i . On débute avec une transformation initiale $T_0 = Id(entité)$, et l'on cherche la transformation T_n qui rende g_n et f les plus semblables possibles, n étant l'itération finale. Chaque itération i peut se décomposer comme suit :

1. Pour chaque démon P de f , calculer la poussée du démon en fonction de la forme locale de g_i en P , qui est g au point $P_i = T_i^{-1}(P)$ et de la forme locale de f en P .
2. Calculer une déformation élémentaire δ_T pour l'image entière, à partir du champ vectoriel de forces "poussantes" (ou δ_T^{-1} à partir des forces inverses). C'est clairement l'étape déterminante dont dépend la stabilité de la méthode (en particulier vis-à-vis de la manière dont est traité la rigidité). δ_T est actuellement déterminé à partir d'un lissage gaussien (dont l'écart-type permet de paramétrer la rigidité de la déformation) du champ vectoriel des forces "poussantes".
3. Appliquer la déformation élémentaire pour obtenir la nouvelle déformation globale.

Retenons encore que **l'utilisation de démons se prête fort bien à une implémentation multi-échelles** puisque **une telle démarche permet de rendre "l'action locale" des démons beaucoup moins locale**.

⁷⁵ L'exemple typique se présente lorsque certains détails dans une image n'ont pas d'homologue dans l'autre image.

Quelques restrictions dans l'utilisation des démons

Etant donné qu'aucune méthode n'est parfaite, et comme le font remarquer les auteurs de la méthode développée à l'INRIA, il y a principalement **deux restrictions à l'utilisation des démons pour le recalage élastique...** qui sont aussi partagées par la majorité des techniques de recalage élastique dans le domaine de l'imagerie médicale.

- En premier lieu, **la méthode des démons est très sensible au positionnement initial des images. Des tests ont permis en effet de montrer que si les images étaient initialement très éloignées, le recalage était quasiment impossible à retrouver.** Certaines méthodes sont plus robustes face à un mauvais positionnement initial et d'autres pas. **Néanmoins, généralement, la robustesse au positionnement initial se fait au détriment de la rapidité de recherche de la solution optimale.** Remarquons quand même que si les démons ne sont pas adaptés au problème d'un mauvais positionnement initial, ils convergent en revanche plus rapidement que les autres algorithmes lorsqu'ils ne sont pas trop éloignés de la solution optimale. D'un autre côté, il faut bien se rendre compte que la recherche d'une "position initiale pertinente" présente également un coût significatif. Si l'on veut utiliser la méthode des démons, il faudra certainement y adjoindre en tant que prétraitement une méthode sommaire de recherche globale pour effectuer ce prépositionnement. Il se peut alors que cette adjonction pour le positionnement initial rende l'ensemble du traitement plus gourmand en calcul qu'une méthode basée par exemple sur une diminution adaptative de l'espace de recherche.
- Le deuxième facteur limitatif, problème en général commun à tous les algorithmes de recalage intermodalités, est que **la méthode des démons ne peut s'appliquer que pour des images dont les intensités sont très similaires, voire identiques.** Malheureusement, **dans le cas d'images réelles, les contrastes inter-tissus varient largement d'une modalité à une autre.** On pourrait envisager, en se servant de connaissances a priori, de corriger les images et rendre ces intensités similaires, mais même si l'on connaissait exactement les courbes des réponses des appareils imageurs face à chaque variété de tissus, le problème resterait insoluble. Effectivement, il n'y a que très rarement des correspondances bijectives entre deux modalités différentes. Cela se constate simplement en remarquant que certains tissus peuvent être facilement différenciés par le biais d'une modalité tout en étant complètement indifférenciables sur une autre.

3.6.4 La procédure d'optimisation⁷⁶

Maintenant que nous connaissons différentes fonctionnelles d'appréciation du recalage et que nous avons défini les différents types de transformations que l'on peut rechercher, la dernière **étape** consiste à **trouver les paramètres correspondant à un extremum global de la fonctionnelle adoptée.** **Lorsque l'espace de recherche n'est pas très grand**, par exemple si la transformation ne dépend que d'un seul paramètre, **on peut envisager une recherche exhaustive sur tout le domaine**⁷⁷. Mais il faut bien l'avouer; cela est rarement le cas.

Il faut donc se munir d'algorithmes d'exploration des solutions sur l'espace de recherche. De tels algorithmes, que l'on nomme plus souvent **procédures d'optimisation** dans la littérature parce qu'ils **définissent la manière selon laquelle la fonctionnelle d'appariement atteint son coût minimum**, existent bien évidemment...mais **la plupart du temps, ils ne peuvent garantir que l'on trouve la solution optimale, et ceci pour des raisons de rapidité de convergence**⁷⁸. Il y a par conséquent un **compromis à faire entre recherche globale et rapidité de convergence locale.** On peut remarquer cependant que, **bien souvent, la nature de la fonctionnelle dicte généralement les grandes lignes de la procédure d'optimisation à adopter.**

⁷⁶ C-à-d la **procédure d'exploration de l'espace de recherche.**

⁷⁷ On peut évaluer chaque transformation candidate en utilisant la fonctionnelle de similarité sur l'ensemble des caractéristiques présélectionnées.

⁷⁸ On a alors une **convergence vers un optimum local potentiellement éloigné de la solution recherchée.** Le point de départ, i.e. l'initialisation préalable de la procédure, y a d'ailleurs généralement une grande importance.

Ainsi, dans la plupart des mises en œuvre des algorithmes de recalage, on se place dans un voisinage suffisamment proche de la solution pour garantir la convexité de la fonction de coût. D'une part, cette convexité assure l'existence d'un minimum unique. D'autre part, elle implique que si deux arguments T et Q sont tels que $f(T) < f(Q)$, alors T est plus proche de l'argument minimum que Q au sens de notre fonctionnelle f . Ainsi, pour estimer numériquement la solution, il suffit de construire une suite d'approximations T_n pour laquelle $f(T_n)$ est une suite décroissante. La convergence est alors atteinte au bout d'un nombre fini d'itérations. De nombreuses techniques d'optimisation sont utilisées à cette fin. Parmi elles, on trouve classiquement la recherche exhaustive, la descente du gradient et ses variantes (Gradient conjugué, NEWTON-RAPHSON et LEVENBERG-MARQUARDT), les méthodes de POWEL et du simplexe, l'algorithme itératif du point le plus proche (ICP), la programmation dynamique et le hachage géométrique.

Malheureusement, en règle générale, non seulement il n'est pas vraiment possible de disposer d'une initialisation près de la solution souhaitable, mais il existe aussi plusieurs minima locaux voire, dans certains cas pathologiques et heureusement rarissimes, plusieurs minima globaux. Dans ce cas, il est logique de supposer que la mesure de similarité est convexe au voisinage de chaque minimum local; on parle alors du bassin d'attraction d'un minimum local. La capacité d'une méthode itérative à converger alors vers le "bon" argument minimum est soumise à la condition que l'estimée initiale appartienne au bassin d'attraction correspondant. Pour éviter ce genre de problèmes, on utilise alors plutôt des méthodes d'optimisation du style descente stochastique, algorithmes génétiques ou encore recuit simulé.

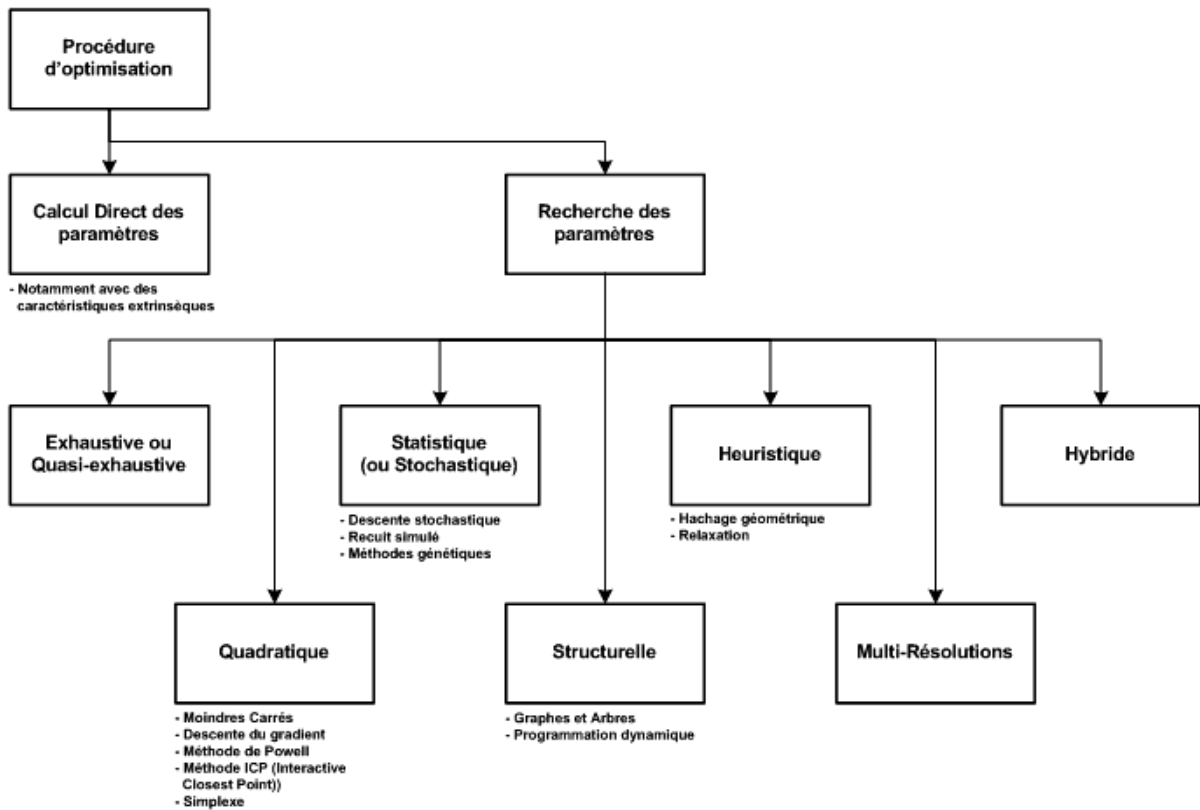


Figure 3.15 - Classification des différentes procédures d'optimisation utilisées pour accélérer la recherche des paramètres de la coregistration.

Sans prétention d'exhaustivité, on peut réaliser une taxonomie de ces "stratégies de recherche" et donc les classer en quelques grandes familles. Nous avons, on l'a déjà souligné, les procédures exhaustives (ou quasi-exhaustives)⁷⁹, mais ce ne sont pas les seules. Il y a aussi les procédés quadratiques⁸⁰, stochastiques, structurelles, heuristiques, multi-résolutions et enfin les hybrides.

⁷⁹ Dans la plupart des cas, même limitée à un domaine de transformations "acceptable", une recherche exhaustive n'est pas envisageable du fait de la taille considérable de l'espace de recherche.

⁸⁰ Ou semi-quadratiques.

3.6.4.1 Les procédures quasi-exhaustives

La méthode d'optimisation dite de *recherche exhaustive* ou *quasi-exhaustive* est très peu employée car **souvent l'espace de recherche considéré est trop important**. Néanmoins il faut savoir que cette méthode existe et peut être **employée quand le nombre de points caractéristiques à faire correspondre est peu important**. C'est notamment le cas pour une sélection interactive de points caractéristiques sur des images 2D ou 3D. Une fois connus, un certain nombre de points intéressants sur une image de référence et sur une image à recaler, l'algorithme peut essayer de trouver les correspondances entre certains de ces points. La combinatoire de ce problème restant faible (si le nombre de points n'est pas trop élevé), une recherche exhaustive est envisageable. Toutefois, les approches utilisant une sélection interactive de points caractéristiques sur des images médicales imposent souvent à l'utilisateur de préciser directement quelles sont les correspondances entre les points des deux images, ce qui évite ainsi toute étape d'optimisation, et réduit l'algorithme de recalage à un algorithme de calcul d'une transformation, globale ou locale.

3.6.4.2 Les procédures quadratiques

Ces méthodes d'optimisation, qui sont **les plus utilisées** dans la littérature du domaine, **nécessitent ou non l'estimation des dérivées partielles de la fonctionnelle (moindres carrés, descente de gradient, NEWTON-RAPHSON, méthode du simplexe, méthode de POWELL)**⁸¹, supposent une **fonctionnelle quasi convexe autour de la solution optimale**, et sont donc **bien adaptées lorsque l'on est en présence d'un problème bien contraint** : forte ressemblance des structures homologues, fonctions de similarité adaptées, quasi-unicité de la solution, initialisation proche de la solution, ...

3.6.4.2.1 La méthode dite de *descente de gradient* (ou le *HILL CLIMBING*)

Le **gradient d'une fonction donne localement la direction dans laquelle celle-ci décroît le plus**. C'est grossièrement sur ce principe que se fondent les **méthodes de descente de gradient**. Leur avantage est qu'elles permettent de construire rapidement une **suite d'approximations de la solution** pour laquelle on est certain (ou presque) que la **valeur du critère diminue à chaque itération**. Il existe plusieurs familles de descentes de gradient :

- les méthodes du **premier ordre**: on se déplace toujours dans la direction du gradient⁸²,
- les méthodes du **second ordre** ou de quasi-Newton: la direction de descente est donnée par le produit du hessien inverse et du gradient,
- les méthodes de type LEVENBERG-MARQUARDT, qui peuvent être vues comme des hybridations de descentes du premier et du second ordre,
- les méthodes de **gradient conjugué**: la direction de descente combine le gradient et la direction précédente.

Signalons aussi que lorsque l'on trouve le minimum d'une fonction selon une direction, le **gradient en ce minimum est nécessairement orthogonal à la direction suivie**. Une **descente de gradient va donc tendre à évoluer par pas constants en suivant des directions orthogonales les unes aux autres, ce qui ne conduit généralement pas au plus vite vers le minimum local de la fonction**. En conséquence, la convergence peut nécessiter un grand nombre d'itérations.

Descente standard

⁸¹ Une autre approche assez rencontrée est la méthode *ICP* ("Iterative Closest Point"), qui autour de la solution peut s'assimiler à une approche quadratique (Voir les annexes).

⁸² Cette famille inclut la *méthode de plus profonde descente*.

En supposant les paramètres de la transformation tous indépendants, il est possible de faire une recherche sur chacun des paramètres les uns après les autres. Il suffit pour cela d'estimer l'influence de la variation d'un paramètre sur la fonction distance, et de modifier ce paramètre en conséquence. Par exemple, si l'augmentation d'un paramètre tend à faire diminuer la fonction distance, on va continuer à l'augmenter, et ce jusqu'à ce que la distance cesse de diminuer.

L'inconvénient majeur d'une telle méthode, est que l'obtention d'une solution dépend fortement des valeurs initiales des paramètres. Par conséquent, il y a de fortes chances de tomber sur un minimum local. **La descente de gradient** ne permet pas en pratique d'obtenir de bons résultats. Un autre inconvénient, est que cette méthode ne fonctionne pas dans le cas où les variables sont corrélées. Une valeur optimale d'un paramètre changerait en fonction de l'évolution des valeurs des autres paramètres. Néanmoins, cette méthode est parfois utile. Elle **permet, lorsque les valeurs de tous les paramètres sont proches de l'optimal, de converger rapidement vers la solution.**

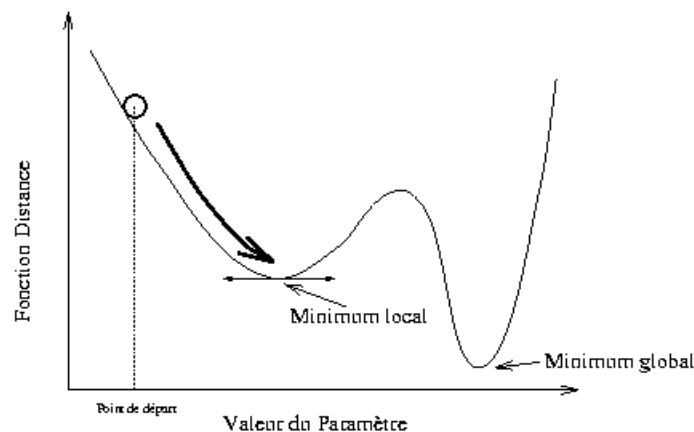


Figure 3.16 - Le Hill Climbing : Convergence vers un minimum local ([Ouv23]).

En effet, le **problème** de cet algorithme de descente de gradient est qu'il **s'arrête au premier minimum local rencontré**. Cela signifie que **toujours descendre en suivant les lignes de plus grande pente n'est pas forcément la meilleure manière pour trouver le minimum absolu**. Deux adaptations sont alors possibles pour améliorer les performances de la descente de gradient.

Descente avec inertie

La descente de gradient avec inertie consiste à pousser un peu plus loin la métaphore mécanique du processus de descente. En effet, imaginons un vélo dans une descente. Lorsque le vélo arrive en bas, il ne s'arrête pas subitement sous prétexte que la pente est inversée. Le phénomène qui lui permet de continuer encore sur sa lancée est appelé l'inertie. Cette inertie peut être dimensionnée à volonté. En pratique, on part de l'hypothèse qu'il y a de plus fortes chances de trouver des minima locaux au début de la descente (on dimensionne donc une forte inertie). On suppose de même qu'à la fin de cette descente, c'est-à-dire lorsque l'on est proche du minimum absolu, on a moins de chance de trouver un minimum local (on dimensionne alors une inertie faible). Il faut bien remarquer qu'une inertie forte permet de remonter des pentes, ce qui est utile pour sortir d'un minimum local, mais ce qui est nuisible lorsque l'on a trouvé le minimum absolu car dans ce cas-là on préfère ne pas en ressortir.

Cela dit, si la fonction distance est vraiment très irrégulière, alors toutes les méthodes issues d'une descente de gradient échouent. Ce serait le cas pour une fonction distance du type de celle de la figure ci-dessous.

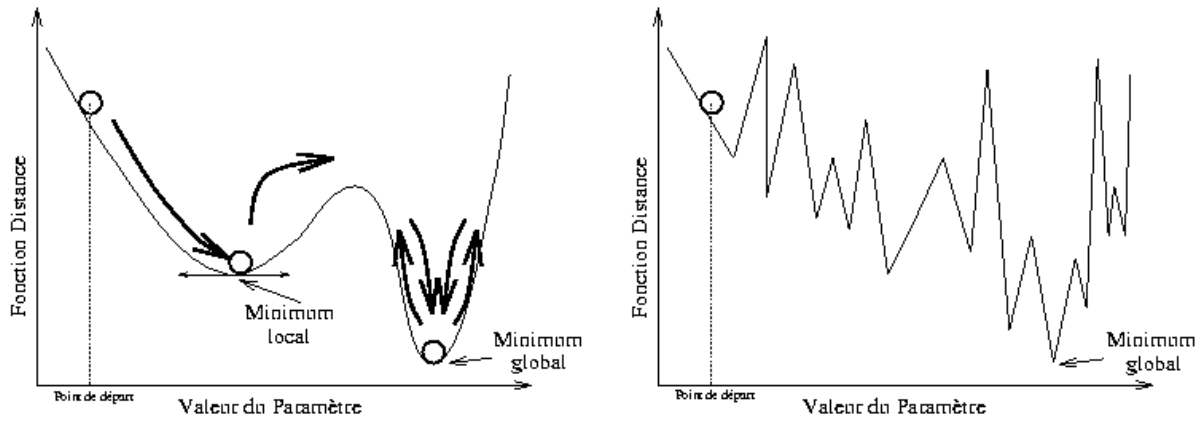


Figure 3.17 - A gauche, descente avec inertie. A droite, fonctionnelle très bruitée ([Ouv23]).

3.6.4.3 Les procédures stochastiques ou statistiques

Ces méthodes d'optimisation sont en théorie **habituellement plus robustes à la présence de données bruitées mais aussi plus compliquées à mettre en œuvre et plus demandeuses en ressources de calcul**. Dans cette famille, on peut retrouver des **méthodes** aussi **variées** que le recuit simulé⁸³ et les méthodes génétiques. La technique du **recuit simulé permet des écarts aléatoires autorisant une diminution du critère de similarité pendant la recherche**. L'amplitude de ces écarts est conditionnée par une température, décroissant au fur et à mesure que l'on s'approche d'un point optimal. Les **algorithmes génétiques procèdent en considérant les paramètres sous forme d'une population de chromosomes**. Le long du processus, des étapes de croisements et de mutations interviennent de manière probabiliste relativement à la valeur du critère de similarité et permettent de converger vers un individu ou une population homogène dont les paramètres correspondent à l'optimum.

3.6.4.3.1 Descente stochastique

La descente stochastique a été proposée par WIDROW et HOFF dans les années 60. Au lieu de minimiser directement la distance en minimisant la fonction somme, on préfère minimiser indépendamment les termes de la somme (dépendant d'un paramètre à la fois), et ceci de manière itérative. On espère ainsi introduire un peu de hasard (et donc ne pas rester sur un minimum local) en passant d'un paramètre à un autre de manière indépendante. Il est démontré que cette démarche revient à suivre en moyenne les lignes de plus grande pente.

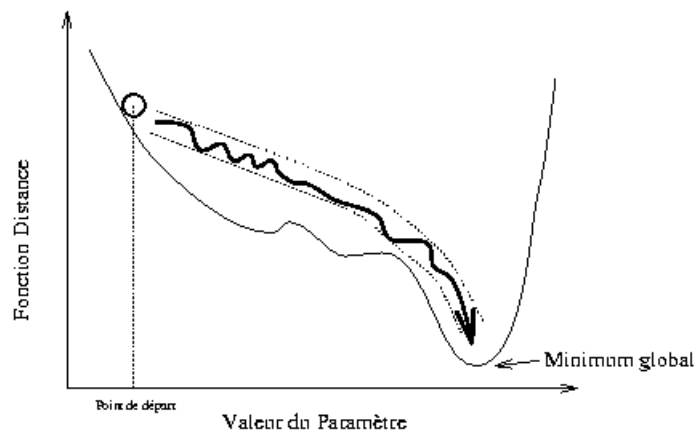


Figure 3.18 - Descente stochastique ([Ouv23]).

⁸³ Cette technique est décrite dans les annexes.

3.6.4.3.2 Algorithmes génétiques

Origines et principes généraux

Les algorithmes génétiques **sont inspirés d'observations concernant les mécanismes de la sélection naturelle**. Ils ont été conçus à l'origine pour résoudre des problèmes d'adaptation, ce qui a amené certains chercheurs, et en particulier John HOLLAND de l'université du Michigan, à tenter de reproduire certains phénomènes naturels. En effet, tout se passe comme si la nature avait conçu des êtres vivants selon des caractéristiques leur conférant des aptitudes à prendre en compte des conditions très difficiles. Les premières réflexions niant l'existence d'une "*conception originelle de systèmes naturels figés*", déjà adaptés pour toujours à toutes les conditions extérieures, ont été introduites par DARWIN, vers 1860, avec sa *théorie de l'évolution* des espèces.

L'idée de base de cette théorie est que, **sous l'influence des contraintes extérieures, les êtres vivants se sont graduellement auto-modifiés, et ce, au travers du processus de reproduction, pour élaborer des générations d'êtres de mieux en mieux adaptés à leur milieu naturel**. Cette idée est porteuse d'une **notion d'auto-organisation, permettant aux espèces d'évoluer spontanément du simple vers le complexe**.

Une approche de modélisation plus poussée de cette évolution au travers du processus de reproduction a été formalisée par Jacques MONOD, dans "*le hasard et la nécessité*" [Ouv31], dans les années 1960. Cette approche purement biologique insiste sur la diversité originelle qui s'appuie sur la combinatoire d'un petit nombre de caractéristiques de base. Le filtrage du hasard opéré par les conditions extérieures laisse vivre ou fait mourir alors un être, avant ou après qu'il se soit reproduit.

Des chercheurs en informatique ont ensuite étudié la possibilité de donner à des machines l'aptitude d'évoluer spontanément, de manière à s'adapter automatiquement à de nouvelles conditions de la même manière que les être vivants dans leur milieu naturel. Lors de la conception de ces **algorithmes génétiques**, les chercheurs remarquèrent que ceux-ci présentaient des **aptitudes remarquables à l'optimisation**. Leur comportement semblait même plus robuste que celui de certains algorithmes classiquement dédiés à cette discipline. Cette propriété a été formalisée, et depuis les algorithmes génétiques ont fait l'objet de nombreux travaux de recherche opérationnelle.

Fonctionnement

L'algorithme génétique vu comme un algorithme d'optimisation globale, s'inscrit dans une chaîne de traitement entre le problème d'optimisation et la solution de ce problème.

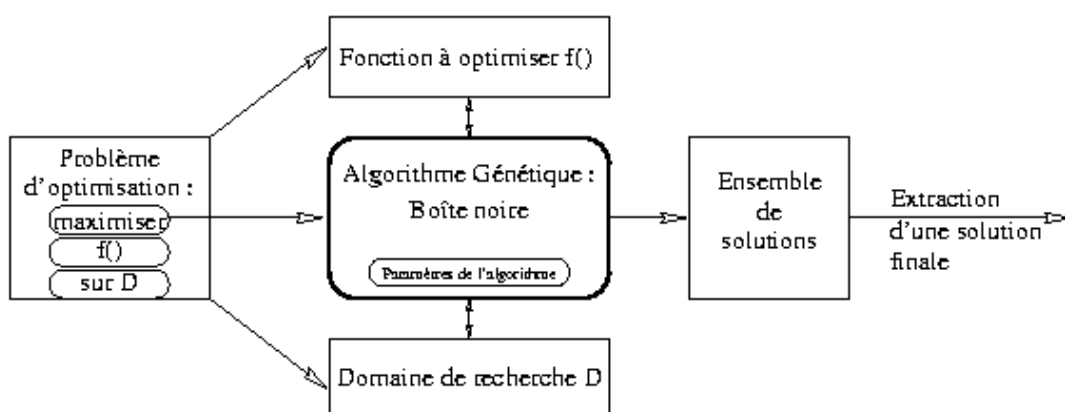


Figure 3.19 - Utilisation d'un algorithme génétique dans un problème d'optimisation ([Ouv23]).

D'un point de vue optimisation, l'algorithme génétique se comporte comme une **boîte noire prenant en entrée un domaine de recherche** (i.e. l'espace de recherche sur lequel se situent les paramètres du problème), **une fonction de valuation** (autrement dit, une fonctionnelle de coût ou de

performance), et enfin **une information concernant le type d'optimisation à effectuer** (maximisation ou minimisation)⁸⁴. En sortie, l'algorithme génétique fournit une liste de solutions potentielles évaluées en fonction de leur performance. Libre à l'utilisateur d'utiliser cette liste d'une façon ou d'une autre (par exemple utilisation du meilleur élément uniquement, ou couplage avec un algorithme d'optimisation déterministe).

Il existe **quatre points importants** rendant les algorithmes génétiques⁸⁵ différents des méthodes classiques d'optimisation :

1. Les AG opèrent une **mise en correspondance entre un espace de recherche** (les paramètres du problème dans le monde réel), et un **espace artificiel de chaînes codées** (espace des gènes). Leur efficacité vis-à-vis d'un problème spécifique dépend de la pertinence de cet encodage.
2. **Les AG fonctionnent sur une population de points, et non pas un point isolé de l'espace de recherche**. Cette propriété est à l'origine du **parallélisme implicite** des AG.
3. **Les AG utilisent seulement les valeurs de la fonction de coût. Ils ne supposent pas l'existence, ni ne calculent, la dérivée de cette fonction ou une autre connaissance auxiliaire** (toutes les connaissances a priori sont incluses dans l'encodage).
4. Les AG utilisent des **règles de transition probabilistes et non déterministes**, appliquées au sein de l'espace codé⁸⁶.

Le fonctionnement d'un algorithme génétique est régi par **quatre règles** que sont d'une part, la **reproduction**, la **mutation**, la **recombinaison**, et d'autre part, la **propriété d'évolution itérative**, i.e. la **répétition cyclique des opérateurs génétiques jusqu'à ce qu'une condition d'arrêt soit satisfaite**.

La sélection et la reproduction

De même que la théorie de l'évolution considère une population et non pas un individu isolé, les algorithmes génétiques agissent sur des **populations d'individus** (N chromosomes), chacun étant **codé par un génotype** (information génétique), par analogie avec la biologie. Ce **génotype est codé traditionnellement par une chaîne de bits**, où **chacun des l paramètres du problème (l gènes) sont codés sur q bits** (q allèles), ce qui fait un **total de $L = l \times q$ bits**, comme le montre la figure ci-dessous.

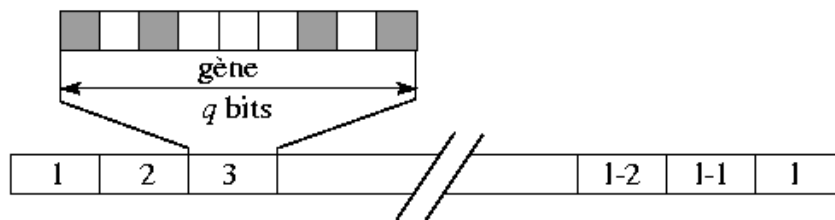


Figure 3.20 - L'encodage naturel d'un chromosome revient à un vecteur binaire ([Ouv23]).

Le mécanisme de l'algorithme génétique va opérer des **reproductions de ces individus, à cardinal N constant, et donc des reproductions de chaînes de bits**. Cette reproduction est réalisée par un opérateur utilisant une **fonction sélective** (*fonction de fitness* ou *de performance*) **qui régit le nombre de duplications de chaque individu, en fonction de son aptitude à satisfaire un critère donné** (évalué par le biais de cette fonction).

⁸⁴ L'algorithme génétique peut nécessiter le réglage de certains paramètres supplémentaires.

⁸⁵ Dès à présent, nous allons utiliser leur acronyme AG lorsque nous en parlerons.

⁸⁶ Ceci est vrai pour les algorithmes génétiques "de base" que nous appellerons canoniques (mutation, recombinaison, reproduction, sélection), par opposition aux algorithmes génétiques évolutionnistes pouvant utiliser des opérateurs déterministes en plus des opérateurs de base.

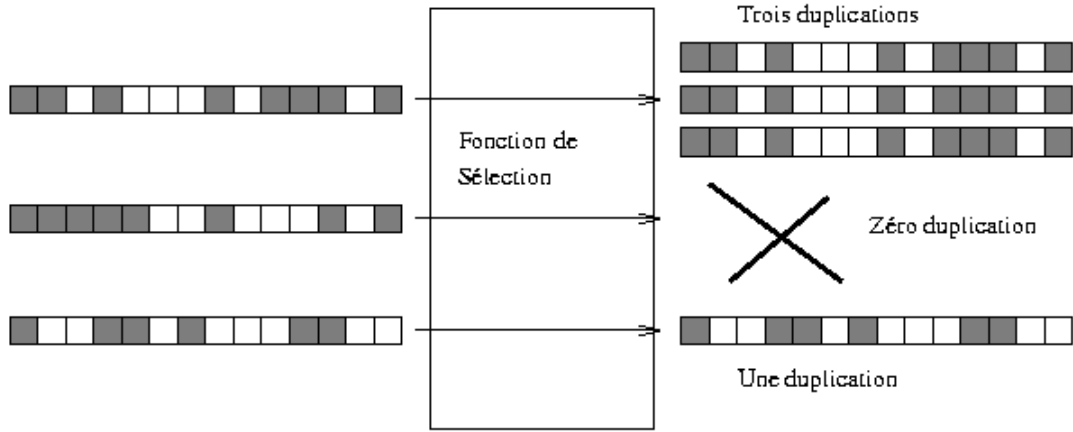


Figure 3.21 - La reproduction ([Ouv23]).

D'un point de vue déterministe, un chromosome i ayant une performance individuelle f_i , possède un nombre caractéristique $D(i)$ défini par $D(i) = \frac{f}{\bar{f}}$ avec $\bar{f} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N f_i$.

Afin de réduire l'erreur stochastique induite par un échantillonnage direct, nous pouvons par exemple utiliser la méthode à deux passes introduite par GOLDBERG dans [Ouv32]. La première étape conserve N_0 géniteurs en dupliquant chaque individu de la population un nombre de fois égal à la partie entière de $D(i)$. Ensuite, on utilise l'erreur de troncature $\varepsilon_r(i)$ pour choisir aléatoirement⁸⁷ les $(N-N_0)$ individus complétant la population engendrée.

D'autres contraintes comme la mise à l'échelle et la normalisation peuvent être utilisées pour transformer la **performance brute** (f) **donnée par la fonction de fitness** en une **performance corrigée** (f_c) avant le processus de sélection. Ces transformations peuvent aider à éviter que les meilleurs individus des premières générations ne dominent trop rapidement la population et impliquent alors une convergence prématurée de la population vers un extremum local. Toutes ces techniques de correction de performance sont expliquées plus en détails dans [Ouv32].

Maintenant, **afin de pouvoir évoluer parmi l'ensemble des solutions recherchées, on ne va pas se contenter de seulement effectuer des copies conformes, mais plutôt d'introduire des phénomènes parasites de mutation et de recombinaison (ou crossover).**

La mutation

À chaque itération génétique, un tirage aléatoire conditionnellement à une probabilité de mutation p_m ⁸⁸ est effectué pour sélectionner un sous-ensemble de chromosomes devant subir une mutation génétique.

Le cas le plus simple de mutation consiste à générer une erreur sur un bit de la chaîne. Celle-ci est réalisée sur un **bit tiré au hasard d'un individu tiré au hasard**. On lui attribue une **probabilité de mutation**. Cette probabilité est utilisée par l'algorithme génétique pour générer les erreurs de recopie. **On génère ainsi un nouvel individu qui n'existait pas auparavant et on explore**

⁸⁷ En fonction de la probabilité $p_r(i)$ définie par l'équation $p_r(i) = \frac{\varepsilon_r(i)}{\sum_{i=1}^N \varepsilon_r(i)}$ avec $\varepsilon_r(i) = D(i) - \lfloor D(i) \rfloor$ et où la notation

$\lfloor D(i) \rfloor$ désigne la partie entière de $D(i)$.

⁸⁸ On choisit souvent dans la littérature $p_m = 1/L$ où L désigne le nombre de bits du chromosome (Cf. [Ouv33]).

aléatoirement l'espace de recherche.

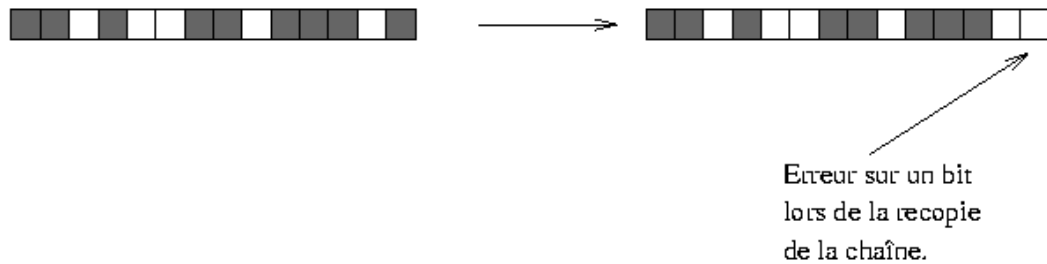


Figure 3.22 – La mutation ([Ouv23]).

Il est à noter qu'il existe d'autres types de mutations, proposant par exemple de modifier un paramètre dans un voisinage du paramètre actuel (*mutation locale*). La *mutation uniforme ou gaussienne* se propose de modifier successivement tous les paramètres d'un chromosome élu pour la mutation, conditionnellement à une probabilité, justement uniforme ou gaussienne.

La recombinaison entre individus

De même que la mutation est basée sur le hasard, la **recombinaison** effectuée, à chaque **itération génétique**, un **tirage aléatoire** (conditionnellement à une probabilité de recombinaison p_c , de valeur typique 80 %). Ce **tirage sélectionne un sous-ensemble de paires de chromosomes** devant subir une **recombinaison génétique**.

La **recombinaison** est, à la base, un **phénomène biologique qui intervient lors de la méiose** (et plus exactement dans la phase de prophase)⁸⁹. On peut voir cet opérateur de **recombinaison** (appelée en anglais *crossover*) comme une "*erreur de lecture*" due à la **superposition partielle de certaines chaînes lors de la recopie** : deux chaînes se croisent et la lecture considère qu'elles ne se croisent pas. La recombinaison entre individus permet de **fabriquer de nouveaux individus ayant des caractéristiques communes avec leurs parents**. Cet "*héritage*" concerne le plus souvent des bonnes caractéristiques, puisque seuls les individus les mieux adaptés vivent suffisamment longtemps pour se reproduire, ce qui peut conduire à des individus encore mieux adaptés.

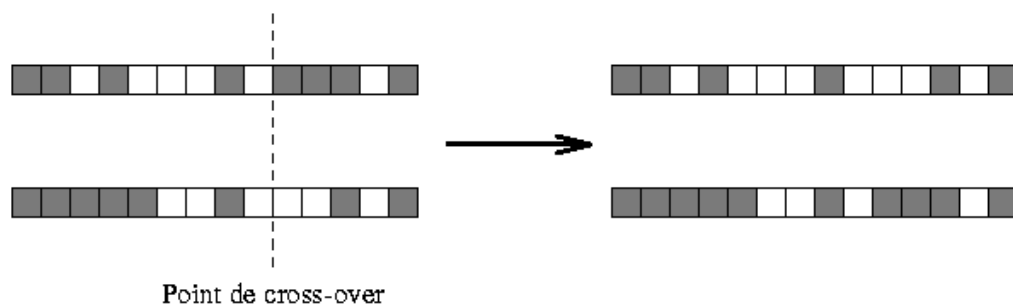


Figure 3.23 – La recombinaison (ou "crossover") ([Ouv23]).

La figure 3.23 montre l'exemple standard de la **recombinaison mono-points**. Ce type de recombinaison possède l'inconvénient de **dépendre de l'ordre dans lequel les paramètres sont encodés**. En effet, **pour chaque chromosome subissant une recombinaison, le premier et le dernier paramètre seront toujours dissociés, alors que le premier et le deuxième par exemple ont très peu de chances de se séparer**. Un premier pas vers la résolution de ce problème consiste à introduire le concept de **recombinaison cyclique** (ou *bi-points*) comme le montre la figure 3.24 ci-dessous.

Au lieu de considérer le chromosome comme un segment, on considère une boucle où le

⁸⁹ La *méiose* est le *processus de division des cellules vivantes* qui précède la formation des cellules reproductrices (gamètes). Elle est constituée de 4 phases successives : Prophase, Métaphase, Anaphase, et Télophase.

*premier et le dernier gène sont jointifs. La recombinaison consiste alors à diviser la boucle en deux segments (choix de deux points de *crossover*) puis à échanger l'un des segments entre les deux chromosomes.* Enfin, signalons que, de la même manière qu'il existe des opérateurs de mutation uniforme, on trouve des recombinaisons uniformes. Chacun des gènes de la paire de chromosomes sont successivement "aléatoirement échangés" en fonction d'une loi de probabilité (uniforme ou gaussienne par exemple).

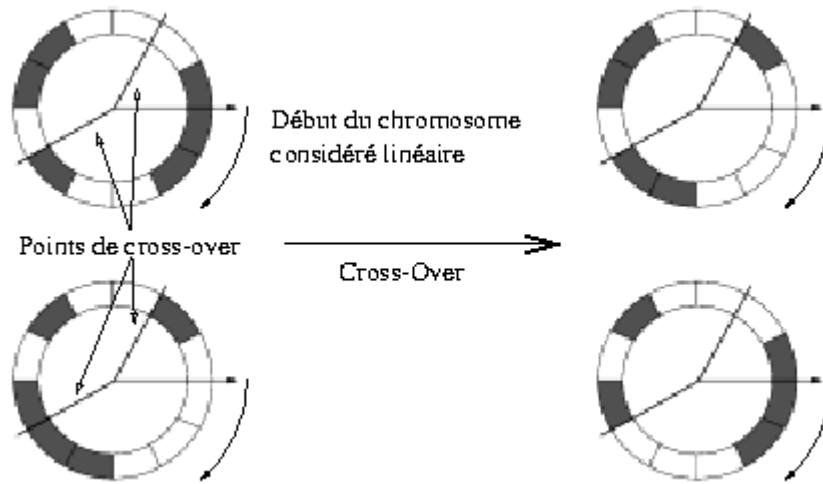


Figure 3.24 – Crossover cyclique ou bi-points ([Ouv23]).

Cycle génétique complet

Voyons maintenant, à l'aide de la figure 3.25, comment tout cela peut s'enchaîner.

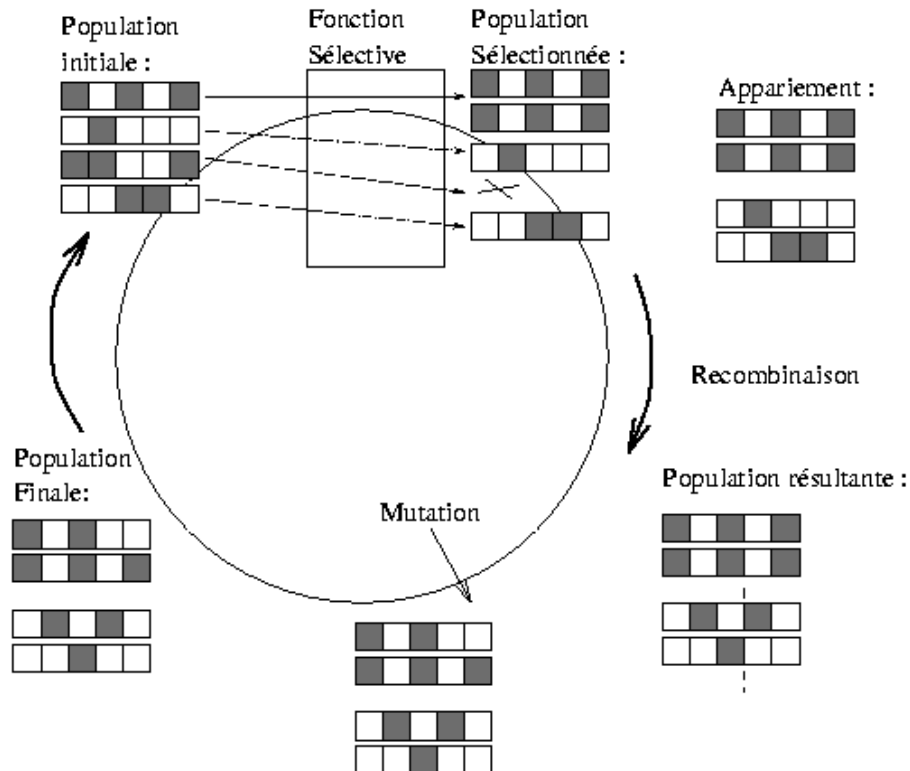


Figure 3.25 – Cycle complet définissant un algorithme génétique ([Ouv23]).

Une **population initiale** est élaborée, puis l'**opérateur de sélection/reproduction** filtre les **individus** de manière à ne conserver que ceux qui présentent de bonnes aptitudes pour répondre au

problème posé . Les **chromosomes** sont ensuite **regroupés par paires** et **un certain nombre** de ces paires (selon la probabilité p_c) **subira une recombinaison**. **Une part** (selon p_m) des chromosomes **peuvent ensuite subir une mutation**. Enfin, **cette population finale vient remplacer la population initiale**, et le cycle peut recommencer. Ce dernier se termine alors **uniquement lorsqu'une condition d'arrêt est atteinte**.

Pour résoudre un problème en utilisant un algorithme génétique, il s'agit de choisir une représentation des solutions sous la forme d'un codage binaire. Comme précisé plus haut, l'algorithme génétique ne manipule pas les solutions directement, mais les représentations (c'est-à-dire des codes binaires représentant les solutions d'un problème). Il est donc important que la représentation binaire des solutions respecte une notion de *topologie*.

De plus, il faut remarquer la grande ressemblance entre les algorithmes génétiques et celui du recuit simulé⁹⁰. En effet, tout comme ce dernier, les algorithmes génétiques sont des **filtres de hasard** : le tirage aléatoire d'une modification trouve son homologue dans deux modifications aléatoires : la mutation et la recombinaison. La fonction de sélection probabiliste dépendant d'une température (algorithme du recuit simulé) est généralisée à une fonction de sélection quelconque. Nombre de propriétés du recuit simulé seront donc attribuées d'office aux algorithmes génétiques comme par exemple la robustesse face aux optima locaux. Le principal point qui différencie ces deux types d'algorithmes est la *manipulation intrinsèque d'une population, propre aux algorithmes génétiques, alors que le recuit simulé manipule un seul individu*. Cette manipulation d'une population est concrétisée par trois principes : la **recombinaison entre individus**, le **partage de la fonction de coût ou d'appariement**, et ce que l'on appelle le **parallélisme implicite**.

Signalons que de plus amples digressions sur les origines et les particularités des algorithmes génétiques sont disponibles et développées dans le livre "*Genetic Algorithms*" ⁹¹ de GOLBERG.

Les principaux paramètres des AG

Les paramètres les plus importants d'un algorithme génétique sont les suivants :

- **La taille de la population**, c-à-d le nombre N de chromosomes constituant une population génétique. Plus ce nombre est élevé, et plus le parallélisme implicite de l'algorithme est important. La valeur optimale de N dépend du problème considéré et surtout de la taille de l'espace de recherche. Une population trop petite vis-à-vis du problème à traiter aboutira nécessairement vers une convergence prématurée de l'algorithme.
- **Le type d'encodage** : il désigne la méthode utilisée pour représenter les valeurs des paramètres du problème au sein des chromosomes. Classiquement, on utilise une représentation sous forme de chaîne de bits, avec ou sans codage de gris, représentant des réels ou des entiers, selon un certain espace de recherche borné, etc. On peut trouver également des AG utilisant un encodage direct des paramètres du problème sous forme de nombres réels ou entiers mais c'est plus rare.
- **La polarité de la recherche** indique si l'algorithme doit maximiser (fonction de performance) ou plutôt minimiser (fonction de coût) la fonction d'évaluation des chromosomes.
- **Le nombre de générations** est le nombre maximal de cycles que l'algorithme peut effectuer. Plus ce nombre est élevé, plus l'algorithme aura le temps de converger, et d'affiner les solutions trouvées. Ce nombre est une borne maximale car l'algorithme génétique peut être interrompu prématurément si, par exemple, un critère de performance suffisante est atteint.
- **La longueur L du chromosome** correspond, dans le cas d'un encodage binaire, au nombre de bits (ou allèles) constituant le chromosome. Sinon elle correspond au nombre de paramètres directement encodés dans le chromosome (aussi appelés les gènes).

⁹⁰ Voir dans les annexes.

⁹¹ Cf. [Ouv33].

- **Le type de recombinaison** : ce paramètre permet de choisir quel genre de recombinaison sera effectuée. Cette recombinaison peut être soit mono-point, soit bi-points, soit uniforme.
- **La probabilité de recombinaison** p_c typiquement égale à 80 % désigne la probabilité qu'une paire de chromosomes de la population soit élue pour la recombinaison (ce qui correspond donc au pourcentage de la population atteint par la recombinaison à chaque itération du cycle génétique).
- **Le type de mutation** permet de choisir quel genre de mutation sera effectuée, à savoir soit une mutation sur un bit, soit uniforme sur l'ensemble du chromosome, soit locale sur l'espace de recherche.
- **La probabilité de mutation** p_m désigne la possibilité qu'un chromosome de la population soit élu pour la mutation (ce qui correspond donc au pourcentage de la population atteint par la mutation génétique à chaque itération du cycle génétique).
- **Et finalement, l'initialisation** qui définit la méthode de formation de la population initiale de chromosomes. En général, cette étape correspond juste à un tirage aléatoire de points sur l'espace de recherche, c'est-à-dire, dans le cas d'un encodage binaire, à un remplissage aléatoire des L bits des N chromosomes initiaux.

Les limites des algorithmes génétiques

Ce qui fait qu'un algorithme génétique est efficace ou non vient certainement de l'encodage utilisé. Toute la difficulté consiste à trouver un encodage bien approprié au problème à traiter et cela est bien illustré par David GOLDBERG dans [Ouv32] où il décrit plusieurs problèmes courants ayant chacun des encodages spécifiques adaptés.

Mis à part le problème de l'encodage, **de mauvais résultats peuvent être observés avec un algorithme génétique lorsque celui converge prématurément, ou trop vite, vers un optimum local. Plusieurs causes** peuvent être à l'origine d'un tel phénomène. Tout d'abord, une très **mauvaise initialisation** de l'espace de recherche⁹². Ensuite, **un mauvais choix de paramètres**⁹³ peut également influencer sur le résultat. Néanmoins, lorsque les paramètres sont fixés à des valeurs non extrêmes, la seule réelle influence du choix des paramètres que l'on observe est l'impact sur le temps global d'exécution, et pas sur la qualité du résultat obtenu, ce qui confirme la robustesse des AG.

Enfin, le **dernier problème** que l'on rencontre à l'usage d'un algorithme génétique est le **choix du critère d'arrêt**. Comment décider que l'algorithme a suffisamment convergé ? Doit-on s'attacher à observer la performance moyenne de la population, la performance du meilleur individu, ou le nombre global d'itérations ? Ce problème n'a **pas de réponse unique**. En général, on opte, de manière simpliste, pour deux conditions d'arrêt : soit le meilleur individu a atteint la performance théorique maximale⁹⁴, soit il a atteint une performance jugée suffisante par l'utilisateur⁹⁵.

Remarques intéressantes

On trouve dans la littérature des utilisations d'**algorithmes génétiques possédant des opérateurs évolués, éventuellement déterministes**. On peut mentionner par exemple l'**introduction d'un opérateur d'optimisation locale** telle que la **descente de gradient** permettant de chercher dans un voisinage du chromosome considéré une direction de plus forte pente, et de déplacer le chromosome dans cette direction, ce qui théoriquement permet d'espérer améliorer la convergence de l'algorithme.

⁹² Par exemple, une large désertification de l'espace englobant l'optimum global, et en même temps une grande densité de points autour d'un bon optimum local.

⁹³ Probabilités des opérateurs génétiques, taille de la population, etc.

⁹⁴ Si cette dernière possède une borne maximale.

⁹⁵ Lorsque l'optimisation est utilisée pour faire de l'approximation rapide par exemple.

Cependant, avec un tel opérateur local de descente de gradient, et pour différents paramètres (probabilité de mutation, de recombinaison, de descente de gradient, taille de la population génétique, nombre d'itérations), on constate **in fine** que l'on n'obtient **pas vraiment de meilleurs résultats qu'avec l'algorithme génétique "classique"**. Ce nouvel algorithme nécessite certes au total **moins de cycles génétiques**, mais a un **temps global d'exécution plus long**⁹⁶.

De tout cela, on peut conclure alors que les algorithmes génétiques se révèlent **très efficaces tant qu'ils restent simples** : ainsi, **il vaut mieux exécuter un grand nombre de fois des opérations simples, que peu de fois des opérations compliquées**. De plus, le fait d'utiliser des opérateurs compliqués revient quasiment à réaliser de l'optimisation avec un algorithme déterministe... ce qui est contraire à la philosophie des algorithmes génétiques.

Remarquons tout de même que **dans la pratique, tous les algorithmes génétiques doivent être "couplés" avec un algorithme de recherche locale, déterministe ou non**. Car, autant les algorithmes génétiques sont efficaces pour s'approcher rapidement de la solution globale d'un problème présentant une fonctionnelle de distribution "chaotique", autant ils ne le sont pas pour résoudre un problème où la fonction de coût est convexe. Or, pour tout problème continu, il existe une échelle d'observation à laquelle le voisinage de l'optimum global⁹⁷ peut forcément être considéré comme convexe.

On en déduit donc facilement que les algorithmes génétiques sont, par nature, **efficaces pour dégrossir un problème chaotique continu, mais pas pour affiner la solution finale**. Aussi, **on peut considérer qu'un algorithme génétique fournit une liste de points voisins d'optima locaux contenant, avec une forte probabilité, des voisins de l'optimum global du problème considéré...** qui peut ensuite être **utilisée comme un ensemble de points de départ pour des algorithmes d'optimisation déterministes dont la principale faiblesse réside justement dans l'initialisation**.

Nous clôturons cette partie en disant que nous nous contenterons de cette présentation, somme toute assez générale. Toutefois, on peut signaler que les algorithmes génétiques ne sont pas seulement des outils expérimentaux, mais aussi que leur robustesse a fait l'objet d'études approfondies. Nous dénoterons également dans la littérature plusieurs apparitions intéressantes d'algorithmes génétiques appliqués au recalage d'images. Ainsi, nous pouvons citer des publications sur le recalage rigide multimodalités [Pub47], le recalage d'objets numériques [Pub48], le recalage élastique monomodalité d'os longs à partir de l'information en niveaux de gris [Pub49, Pub50], ainsi que son extension directe en multimodalités [Pub51].

3.6.4.4 Les procédures structurelles

Sous cette classe, on peut ranger les procédures à base d'**arbres** ou de **graphes** ou encore de **programmation dynamique**. Ces approches consistent à traiter le problème d'optimisation de manière globale. Elles sont assez **coûteuses en temps de calcul**, mais elles assurent par contre la convergence de la solution vers le minimum global de la fonctionnelle de similarité.

3.6.4.4.1 La programmation dynamique

Une autre stratégie d'optimisation communément utilisée pour la coregistration d'images est la programmation dynamique. Il s'agit d'une **approche algorithmique de résolution de problèmes générant un résultat en combinant les meilleures solutions de sous-problèmes**. Des **calculs redondants** sont ainsi évités et la **recherche des paramètres grandement élaguée**. Remarquons tout de même que **cette tactique peut seulement s'appliquer quand un ordre intrinsèque sur les données ou le problème existe**. Explicitons cela un peu plus !

La programmation dynamique est clairement une technique pour résoudre des problèmes

⁹⁶ L'opérateur introduit étant plus complexe.

⁹⁷ De même que pour les optima locaux.

d'optimisation quand tous les variables d'une fonction de coût⁹⁸ ne sont pas interreliées simultanément. Considérons par exemple la fonctionnelle $h(x_1, x_2, x_3, x_4)$ et le problème d'optimisation qui y est rattaché :

$$\underset{x_i}{\text{Max}} h(x_1, x_2, x_3, x_4) = \underset{x_1, x_2, x_3, x_4}{\text{Max}} h(x_1, x_2, x_3, x_4)$$

Si on ne connaît rien au sujet de $h(x_1, x_2, x_3, x_4)$, la seule technique qui garantisse un maximum global est, on l'a déjà souligné, l'énumération exhaustive de toutes les combinaisons possibles des valeurs discrètes des variables x_1, x_2, x_3 , et x_4 . Supposons que la fonctionnelle est définie par

$$h(x_1, x_2, x_3, x_4) = h_1(x_1, x_2) + h_2(x_2, x_3) + h_3(x_3, x_4).$$

x_1 ne dépend uniquement que de x_2 dans $h_1(x_1, x_2)$. On maximise donc x_1 dans $h_1(x_1, x_2)$ pour chaque x_2 et on garde en mémoire pour chaque x_2 la meilleure valeur de $h_1(x_1, x_2)$, c-à-d

$$f_1(x_2) = \underset{x_1}{\text{Max}} h_1(x_1, x_2).$$

Puisque les valeurs de $h_2(x_2, x_3)$ et de $h_3(x_3, x_4)$ ne dépendent absolument pas de x_1 , elles n'ont pas besoin d'être considérées à ce point de l'algorithme. On continue de cette manière et on élimine x_2 en calculant $f_2(x_3)$ et $f_3(x_4)$ définis respectivement par

$$f_2(x_3) = \underset{x_2}{\text{Max}} h_2(x_2, x_3) \text{ et } f_3(x_4) \text{ défini par } = \underset{x_3}{\text{Max}} h_3(x_3, x_4) \dots$$

si bien que finalement

$$\underset{x_i}{\text{Max}} h(x_1, x_2, x_3, x_4) = \underset{x_1, x_2, x_3, x_4}{\text{Max}} h(x_1, x_2, x_3, x_4) = \underset{x_4}{\text{Max}} f_3(x_4).$$

En généralisant à N variables, où $f_0(x_1) = 0$, nous avons notre algorithme d'optimisation de programmation dynamique qui s'écrit sous la forme suivante :

$$\underset{x_i}{\text{Max}} h(x_1, \dots, x_N) = \underset{x_N}{\text{Max}} f_{N-1}(x_N) \text{ où } f_{N-1}(x_N) = \underset{x_{N-1}}{\text{Max}} [f_{N-2}(x_{N-1}) + h_{N-1}(x_{N-1}, x_N)]$$

Ainsi, dans le cas où chaque x_i ne peut prendre que M valeurs discrètes distinctes, pour calculer $f_{N-1}(x_N)$, on ne doit calculer le maximum que pour M^2 combinaisons différentes de x_{N-1} et de x_N . La quantité de calculs résultante n'implique donc que $[(N-1) \cdot M^2 + M]$ évaluations : ce qui représente une amélioration non négligeable sur une recherche exhaustive, qui impliquerait quant à elle M^N évaluations de $h(\cdot)$.

3.6.4.5 Les procédures heuristiques

Cette catégorie de procédures d'optimisation reprend en fait toutes celles qui sont par nature difficiles à classer. On peut y placer par exemple le **hachage géométrique** ou la **relaxation**.

⁹⁸ La fonction de coût ou d'évaluation (c'est selon !) est bien évidemment la fonctionnelle de notre modèle mathématique de la coregistration.

3.6.4.5.1 Le hachage géométrique

Les techniques de hachage géométriques considèrent dans chaque image à apparier successivement tous les triplets de points comme des repères affines, et calculent les coordonnées affines de tous les autres points dans ces repères. Elles essaient ensuite de retrouver les points de coordonnées identiques dans les deux images. A l'usage, la complexité de l'appariement s'avère assez importante mais elle peut grandement s'améliorer en prenant en compte la structure de l'image. Par exemple, si les points utilisés proviennent de l'approximation polygonale des contours d'un objet, alors ces derniers fournissent une information complémentaire permettant justement de réduire cette complexité. De même, dans le cas où les points sont extraits d'images en niveaux de gris, ces niveaux peuvent être utilisés pour rendre les points plus informatifs et, là aussi, diminuer la complexité.

3.6.4.5.2 La relaxation

Les méthodes de relaxation sont des **stratégies de recherche "bottom-up"** dans lesquelles on commence par proposer quelques appariements. On utilise alors les contraintes déduites de ces premiers appariements pour en effectuer d'autres⁹⁹. Ensuite, on réitère le processus jusqu'à convergence ou jusqu'à ce qu'une bonne mise en correspondance soit trouvée¹⁰⁰. L'avantage de telles méthodes réside dans leur **tolérance envers les distorsions géométriques locales**, ce qui en fait des techniques de choix par exemple pour des coregistrations basées sur l'emploi de régions d'intérêt.

3.6.4.6 Les procédures multi-résolutions

Bien souvent, les méthodes d'optimisation dont nous avons déjà conversé sont imbriquées dans un **schéma hiérarchique multi-résolutions** (ou multi-échelles). Le **principe** d'un tel schéma **repose sur une transformée pyramidale de chacune des deux images**. On recalcule successivement les versions d'images correspondant à des niveaux cohérents de résolution, en allant des niveaux les plus grossiers vers les plus fins¹⁰¹. Le but avoué est non seulement d'**accélérer la recherche de la solution optimale**, puisque qu'une méthode de type exhaustif aurait un coût calculatoire vraiment prohibitif... mais aussi de **réduire la sensibilité aux minima locaux**.

Les techniques usuelles de construction de pyramides (Gaussiennes ou autres) peuvent être utilisées, mais dans la majorité des approches, **un simple sous-échantillonnage est appliqué**. Dans ce cas, parmi les diverses techniques existantes, **celles qui sont très souvent retenues remplacent un ensemble de voxels¹⁰² de l'image de départ par la valeur minimum ou maximum de ces voxels, ou encore la valeur médiane, plus robuste au bruit**. C'est la solution qui permet de conserver au mieux l'information géométrique, contrairement aux méthodes consistant par exemple à prendre la valeur moyenne.

Concrètement, à partir des images des caractéristiques géométriques, on crée de nouvelles images sous-échantillonnées. Ces images sont donc **plus petites** et le **calcul de leur corrélation se trouve grandement accéléré**. Le processus de coregistration s'opère alors comme suit :

1. Création d'une pyramide d'images sous-échantillonnées;
2. Partir de la résolution la plus faible et effectuer classiquement le recalage;
3. Effectuer le recalage à l'ordre supérieur en se basant sur les résultats obtenus par l'étage inférieur;

⁹⁹ On emploie à ce sujet des indices locaux de similarité dont la valeur dépend directement de celles des voisins.

¹⁰⁰ Ainsi, il est possible d'assigner à chaque position une valeur de mesure qui sera remise à jour à chaque itération.

¹⁰¹ Pour que la stratégie multi-résolutions soit efficace, il faut que le niveau le plus grossier de la pyramide soit le plus représentatif possible du niveau le plus fin, afin de guider précisément la recherche.

¹⁰² Jusqu'à un maximum de huit voxels.

4. Continuer jusqu'à la résolution originelle.

Par conséquent, il subsiste au moins **deux avantages** à utiliser une telle approche multi-résolutions :

- **Cela diminue considérablement le temps de traitement.** On peut réaliser en effet beaucoup plus d'itérations à une faible résolution (moins de détails à traiter) qu'à une résolution fine;
- Pour l'anatomie humaine, **les caractéristiques macroscopiques sont généralement plus stables que les détails microscopiques qui sont souvent très bruités.**

Enfin, remarquons qu'il se révèle **possible** également **d'adapter un tel algorithme multi-résolutions sur une machine parallèle.**

3.6.4.7 Les procédures hybrides

Bien que nous ayons présenté des méthodes d'optimisation fort différentes, il est à noter qu'afin d'accélérer leur convergence (c-à-d réduire le nombre des configurations examinées) tout en conservant une bonne qualité au résultat (notamment en évitant les minima locaux), la plupart des traitements en imagerie ne se contente pas d'utiliser un seul algorithme d'optimisation.

Ainsi, beaucoup de méthodes consistent à **scinder les problèmes en une série plus ou moins indépendante de sous-problèmes dont chacun peut se résoudre avec des méthodes distinctes.** Notons par exemple la possibilité de **mélanger des méthodes de recherche globale**, comme le recuit simulé ou les algorithmes génétiques, **avec des méthodes de recherche plus locale** comme le HILL CLIMBING. De même, il n'est pas rare non plus de rencontrer des méthodes d'optimisation qui ne sont en fait que la succession de plusieurs. Exemple typique : Dans un premier temps, un algorithme rapide et peu précis. Ensuite, un second plus lent mais plus minutieux.

3.7 Classification des différentes techniques de coregistration

Dans une publication très récente, MAINTZ et VIERGEVER, deux experts dans le domaine de l'imagerie médicale, font état du **recensement** qu'ils ont réalisé, d'un grand nombre de méthodes contemporaines¹⁰³ de coregistration et en procurent **neuf approches de classification** d'après un modèle "retravaillé" proposé initialement par VAN DEN ELSEN et POL. Ces neuf critères sont respectivement :

1. la *dimension* du recalage,
2. les *caractéristiques* sur lesquelles la coregistration s'appuie,
3. la *nature de la transformation* utilisée,
4. le *domaine de la transformation* utilisée,
5. les *modalités concernées* par le coregistration,
6. les *sujets impliqués* dans la coregistration,
7. le *degré d'interaction* de l'utilisateur,
8. la *méthode d'optimisation* employée,
9. et enfin, les *objets en eux-mêmes qui sont recalés.*

¹⁰³ I.e. développées jusqu'ici.

On y relève *que le critère principal de cette classification, le second, réside dans le caractère extrinsèque ou intrinsèque des caractéristiques employées pour réaliser la coregistration...* De même, on remarque qu'*actuellement, la majeure partie des méthodes intrinsèques les plus intéressantes sont basées, soit sur des surfaces segmentées, soit sur des techniques recherchant à utiliser le contenu informationnel complet des images impliquées.*

3.7.1 La dimension du recalage

La **principale subdivision** demeure ici dans le fait que *toutes les dimensions du recalage sont spatiales ou au contraire, que le temps y constitue une dimension supplémentaire*. Dans le premier cas, il peut s'agir d'un **recalage 2D/2D, 2D/3D, ou encore 3D/3D**. La plupart des travaux concernent le recalage 3D/3D, ce qui correspond généralement au recalage de deux ensembles de coupes tomographiques jointives. Potentiellement, toutes les possibilités pourraient être rencontrées : ainsi, par exemple, le recalage 2D/2D, moins complexe et plus rapide que le 3D/3D, s'applique à des coupes séparées de données tomographiques. Cependant, pour l'instant, le recalage 2D/3D est essentiellement appliqué en per-opératoire en alignant par exemple un cliché radiologique per-opératoire avec des coupes tomodensitométriques pré-opératoires.

Les **séries temporelles d'images**, quant à elles, sont **acquises pour de nombreuses raisons** *telles que le monitoring de la croissance de tumeur, le monitoring post-opératoire d'une cicatrisation ou encore l'observation de l'évolution d'un produit injecté dans un vaisseau sanguin.*

3.7.2 Les caractéristiques sur lesquelles s'appuie la coregistration

Nous avons déjà bien présenté ce sujet dans ce chapitre, nous passons donc sans attendre aux autres critères de classification retenus.

3.7.3 Le type de transformation utilisé

Pour mémoire, une **transformation** est **rigide** si seules les translations et les rotations sont autorisées. Si des droites parallèles restent parallèles après transformation (cas où, en plus des translations et rotations, s'ajoute par exemple une mise à l'échelle), la transformation est **affine**. Si des droites restent des droites mais ne sont plus parallèles, la transformation est **projective**. Si les droites se transforment en courbes, elle est **élastique**. Cette description va donc de la transformation la plus restrictive, la rigide, à la plus générale, l'élastique.

La plupart des recalages effectués utilisent une **transformation rigide**¹⁰⁴. Un tel modèle de transformation est largement justifié lorsqu'il s'agit d'un **recalage monomodalité intrasujet**. Par contre, dès que l'on considère des images soit issues de patients différents, soit d'un même patient mais de modalités différentes, une **transformation rigide** avoue souvent ses limites¹⁰⁵, ou alors se révèle **complètement inefficace** (cas des recalages d'objets déformables, intersujets, ou avec un modèle). En regard, le recalage non rigide paraît s'orienter dans une voie assez divergente, non seulement avec la création et l'utilisation d'atlas médicaux, mais aussi en développant des techniques beaucoup plus sophistiquées où l'élasticité est appelée à jouer un rôle de premier plan.

Lorsque l'on veut mettre en œuvre un tel algorithme de **recalage élastique**¹⁰⁶, la plus grosse difficulté, outre le choix du modèle de déformation (torsions et contractions), est la croissance de

¹⁰⁴ Ainsi, le recalage rigide demeure une réalité médicale bien concrète et particulièrement efficace pour le cas d'objets immobiles comme la tête

¹⁰⁵ Exemple : cas du recalage IRM sur scanner où les images IRM peuvent présenter des distorsions d'acquisition

¹⁰⁶ Un tel recalage reste délicat et nécessite que les deux objets à coregistrer n'aient pas des positions trop différentes au départ. Pour se faire, il est souvent précédé d'un recalage rigide.

complexité par rapport à un recalage rigide. **Cet accroissement de complexité se traduit aussitôt par une augmentation considérable du temps de calcul.** Il devient alors absolument **nécessaire de mettre en place une stratégie d'optimisation différente de celles que l'on emploie couramment pour les recalages rigides**, comme les algorithmes génétiques ou le recuit simulé

3.7.4 Le domaine de la transformation

Si la transformation s'applique de manière identique à toute l'image, elle est **globale**. Si des sous-sections de l'image ont leur propre transformation, elle est **locale**. Les transformations élastiques sont généralement locales, tandis que les rigides et les affines globales.

3.7.5 Les modalités concernées par le recalage

La coregistration peut être soit **monomodale (images de même modalité)**, soit **multimodale (modalités différentes)**, soit finalement **modalité/modèle** (exemple : recalage d'un TEMP sur un modèle mathématique définissant les structures cérébrales).

3.7.5.1 Recalage monomodal

Le cas le plus facile de coregistration est le recalage monomodal. Il est **souvent utilisé pour mettre en correspondance des images d'un même patient acquises à des instants différents** pour, par exemple, évaluer l'évolution d'un organe comme le cœur (à une échelle de temps faible), ou d'une tumeur cancéreuse (à une échelle de temps plus longue). Par ailleurs, le recalage monomodal **peut aussi être utilisé pour recaler des images de patients différents afin d'effectuer des statistiques, ou de simples comparaisons de formes.**

Le recalage monomodal est considéré comme le plus simple puisque les images rendent compte d'une information somme toute très similaire. Pour un même patient, tout ce qui se voit dans une image doit aussi se voir dans l'autre image, ce qui n'est pas le cas avec le recalage multimodal. De fait, **il est souvent possible de travailler directement sur les images monomodales (sur les niveaux de gris), ce qui n'est pas le forcément le cas par exemple avec des images multimodales où les niveaux de gris ne sont pas forcément corrélés** (comme entre des images IRM et CT).

3.7.5.2 Recalage multimodal

Le recalage multimodal englobe d'abord toutes les utilisations du recalage monomodal car **la monomodalité est incontestablement un cas particulier de multimodalités**. Cependant, **l'essence même d'un recalage multimodal est non plus l'analyse d'une évolution entre deux images, mais plutôt le cumul d'informations complémentaires issues de modalités différentes**. Par exemple, il est intéressant de coregistrer des images fonctionnelles dont la mauvaise résolution rend difficile l'identification des bords des objets, avec des images scanner X ou IRM ayant une meilleure résolution spatiale.

3.7.6 Les sujets utilisés pour la coregistration

La **coregistration** peut être **intrasujet** si les modalités recalées appartiennent au même patient. Elle peut être également **intersujets**. Dans ce dernier cas, **des algorithmes élastiques sont principalement utilisés afin de minimiser les différences de morphologies interindividuelles**. Ils sont le plus souvent intrinsèques, basés sur des structures pré-segmentées ou sur les propriétés des voxels.

Enfin, la coregistration peut être **du type sujet/atlas**. Ici, le **but** consiste en fait en un **repérage anatomique ou fonctionnel**. Bien que potentiellement applicable à différents organes, il est surtout intéressant pour le cerveau. L'atlas peut être anatomique ou fonctionnel. Il peut s'agir d'un atlas

graphique ou d'une IRM étiquetée introduite une fois pour toutes dans le calculateur. Dans ce dernier cas, le recalage reviendra alors à un recalage multimodal. Signalons enfin que pour réaliser un tel alignement entre un examen quelconque d'un sujet et un atlas, **la transformation la plus adaptée se révèle être le plus souvent une transformation élastique.**

3.7.7 Le degré d'interaction de l'utilisateur

La coregistration d'informations diverses est un problème relativement universel, relié intimement au domaine de la reconnaissance de formes. Alors qu'un bon nombre d'études et de réflexions ont contribué à sa totale automatisation dans la spécialité de l'imagerie satellite par exemple, il faut honnêtement constater qu'au niveau de l'imagerie médicale tridimensionnelle, **la plupart des applications réellement utilisées en milieu hospitalier s'avèrent encore étroitement dépendantes d'une assistance manuelle.**

Une explication en est sûrement la **complexité des problèmes posés, liée aux formes rencontrées dans le corps humain, au type d'images utilisées** ainsi qu'aux **critères de sécurité et d'éthique entrant en jeu**. On assiste toutefois depuis quelques années à l'**émergence de méthodes** de coregistration **proposant une solution plus automatique** lorsque les images contiennent des objets considérés comme rigides (boîte crânienne, vertèbre, cerveau, etc.). En y regardant de plus près, on remarque volontiers que le niveau d'interaction requis par une méthode spécifique se révèle plutôt malaisé à mesurer objectivement. Il s'agit d'un facteur primordial, permettant de juger l'applicabilité d'une méthode en milieu clinique. Aussi, nous proposons une taxinomie du **degré d'interaction en trois catégories : interactive, semi-automatique et automatique.**

Quand l'utilisateur effectue lui-même le recalage manuellement à l'aide d'outils logiciels de visualisation et d'impression adaptés¹⁰⁷, la méthode est clairement **interactive**. Par contre, une méthode est **automatique** quand l'utilisateur fournit **uniquement les images à traiter et éventuellement quelques informations concernant leur acquisition**¹⁰⁸. Finalement, une méthode est qualifiée de **semi-automatique** quand l'interaction s'avère de deux natures différentes : d'une part, **l'utilisateur doit initialiser la procédure** en présegmentant éventuellement les données et en désignant explicitement les caractéristiques de l'image devant être utilisées; d'autre part, **il doit piloter et stopper le processus en acceptant ou rejetant les hypothèses de recalage proposées**. Par conséquent, selon cette classification, on se rend compte très vite que la **majeure partie** des méthodes de coregistration sont cataloguées en tant que **semi-automatiques**.

Signalons que les **méthodes "assistées"** faisant intervenir un peu ou énormément l'utilisateur, **autrement dit les méthodes semi-automatiques ou interactives**, s'appuient ordinairement sur le recalage manuel de points significatifs et les paramètres de la transformation de recalage qui leur correspondent sont le plus souvent estimés par l'opérateur ou via un critère de minimisation quadratique. On peut en isoler une première catégorie imposant un protocole d'acquisition contraignant : un cadre stéréotaxique ou des marqueurs externes. Dans ce cas, la technique est assez performante si l'on prend en considération un nombre suffisamment grand de points. Une seconde concerne des méthodes nettement plus souples, qui permettent un recalage purement rétrospectif, sans intervention au niveau du protocole d'acquisition des images.

On peut conclure en disant que :

- **Dans l'absolu, l'automatisme est à préférer pour son objectivité et sa reproductibilité mais il n'est pas toujours souhaitable.** En effet, **l'intervention de l'utilisateur**¹⁰⁹ **ne doit pas être perpétuellement considérée comme négative** : sa présence, aussi minime soit elle, permet de

¹⁰⁷ Cela se traduit notamment par le choix qualitatif de la transformation à exécuter (et de sa meilleure estimation possible par petits à-coups progressifs). Au contraire, dans le cas des deux autres "classes" de méthodes, l'ordinateur détermine lui-même la transformation.

¹⁰⁸ A côté de cela, une telle méthode ne réclame aucune autre intervention humaine.

¹⁰⁹ Dans les procédures interactives ou semi-automatiques, on présuppose que l'opérateur possède toutes les qualifications indispensables pour accomplir sa tâche. Autrement dit, il jouit de connaissances médicales, physiques ou mathématiques minimales, et se révèle capable de se représenter des objets en trois dimensions.

simplifier, d'accélérer le processus d'appariement ou encore d'accroître son efficacité¹¹⁰. Ainsi, certaines méthodes automatiques seraient plus performantes si l'utilisateur intervenait par exemple en réduisant l'espace de recherche.

- Dans la réalité quotidienne actuelle, les **méthodes semi-automatiques et automatiques reviennent relativement chères car leurs temps de calculs sont bien souvent assez imposants**¹¹¹ tandis que les **manuelles provoquent fréquemment des erreurs relativement élevées, dues aux limites de la visualisation des images ainsi qu'à la complexité des objets corrélés**.

3.7.8 La procédure d'optimisation employée

Pour rappel, les **paramètres qui permettent de calculer la transformation se déduisent soit de manière explicite des données** (par exemple si l'opérateur indique manuellement des repères externes), **soit sont déterminés en trouvant l'optimum d'une fonction**¹¹² **qui quantifie la similarité entre les deux jeux de données**. Dans ce cas, une procédure d'optimisation doit être employée. Il peut s'agir d'une procédure classique (méthode de Powell, méthode du simplexe, etc.) ou d'une procédure créée spécialement pour traiter la fonction de similarité incriminée. Le temps de calcul nécessaire au recalage dépend alors en grande partie de cette procédure d'optimisation.

3.7.9 Les objets recalés

Il peut s'agir du cerveau, du cœur, des reins, etc.

3.7.10 Remarque

Nous allons terminer cette partie sur la classification des méthodes ainsi que ce chapitre en relevant qu'il est *possible d'établir des rapports directs entre ces neuf approches de classification et les quatre éléments exposés précédemment*. Ainsi,

1. l'élément "*espace des caractéristiques*" correspond directement aux trois critères de classification "*dimension du recalage*", "*caractéristiques sur lesquelles va s'appuyer la coregistration*" et "*objets recalés*";
2. l'élément "*espace de recherche*" coïncide tout à fait avec les deux critères de classification "*nature*" et "*domaine de la transformation utilisée*";
3. l'élément "*procédure d'optimisation* (appelée aussi procédure d'exploration de l'espace de recherche)" concorde de façon incontestable avec le critère "*méthode d'optimisation employée*";
4. l'élément "*fonctionnelle*" n'a, à première vue, aucun homologue direct parmi ces neuf critères... mais il semble en dépendre indirectement de plusieurs comme "*modalités concernées*", et "*dimension du recalage*"... voire même de "*caractéristiques*"...

¹¹⁰ Notons tout de même que les résultats obtenus par des méthodes interactives de recalage souffrent généralement de la subjectivité de l'utilisateur.

¹¹¹ D'une dizaine de minutes à quelques heures.

¹¹² Cette dernière est appelée *fonctionnelle*, *fonction de coût* ou encore *mesure de similarité*.

Chapitre 4

Première ébauche de conception Orientée Objets du problème de la coregistration

4.1 Intérêt d'une conception Orientée Objets

Jusqu'à présent, notre travail s'est dans un premier temps principalement composé à **clarifier les notions et fondements importants intervenant dans la problématique de la coregistration d'images médicales** et par là aussi, de **montrer son côté multidisciplinaire**. Nous avons dans cet esprit présenté les **différentes modalités d'imagerie mises en jeu**, expliqué en quoi consiste une **image médicale moderne** et où s'inscrit le recalage de telles images dans la **succession des manipulations** que l'on peut leur appliquer, de leur acquisition à leur interprétation par le médecin.

Ensuite, nous avons défini précisément ce que signifie réaliser le recalage de deux images médicales, non seulement en exposant l'ensemble des diverses étapes de son processus mais aussi en le **modélisant mathématiquement sous la forme d'un problème d'optimisation**. Cette démarche a révélé la grande complexité du problème qu'elle implique : diversité des formats pris en compte¹ et des contenus des images, **multitude des méthodes possibles ainsi que des ressources nécessaires**.

Nous avons également proposé une **classification suivant neuf approches méthodologiques correspondant à des critères distincts que l'on retrouve dans chaque méthode de recalage**. Ces derniers se rapportent tantôt à des stratégies globales (classification par niveaux d'interaction de l'utilisateur), tantôt à des traitements particuliers réalisés au cours de la procédure de coregistration (transformation employée, méthodes d'optimisation adoptée, etc.) et tantôt aux objets à recalcr (modalités, caractéristiques, etc.).

Finalement, **si ces nombreux critères de classification conduisent à une certaine confusion dans la mise au point d'outils d'aide à la réalisation de la coregistration assistée par ordinateur, nous pouvons les réduire à ce que l'on pourrait appeler les plus grands communs diviseurs de toute démarche de coregistration**, à savoir :

- Les *caractéristiques* sur lesquelles s'appuient le recalage;
- La *transformation* appliquée à l'une des images afin de la recalcr sur l'autre;
- La *fonctionnelle d'appariement* ou *mesure de similarité*, qui va permettre d'optimiser la qualité du recalage;
- Et enfin, la *procédure d'optimisation de la recherche* (ou d'exploration) *des paramètres* de la transformation à effectuer.

Tous ces différents points expliqués et largement développés dans les chapitres précédents nous amènent donc à **regarder plus loin, et surtout à reconsidérer le problème de la coregistration sous un nouveau jour... et plus singulièrement, sous la forme d'un modèle descriptif le plus générique possible englobant toute cette masse de méthodes proposées jusqu'à maintenant**.

¹ Remarquons d'ailleurs que cette variété de formats, le plus souvent propriétaires, et l'absence encore aujourd'hui d'un format d'images médicales véritablement standard entraîne que, s'il n'est pas possible d'en définir un, il s'avère à tout le moins nécessaire de construire des encodeurs/décodeurs des différents formats existants largement utilisés !

Clairement, cela se traduit par **repenser le recalage non plus en terme procédural, c-à-d un ensemble de traitements ou opérations séquentiels visant à résoudre le problème, mais à l'instar des conceptions orientées objets, en terme de description d'objets informatifs par niveaux d'abstraction successifs. Au plus haut niveau d'abstraction, la nature même des informations détermine la solution, laissant aux niveaux inférieurs les détails d'implémentation.** En d'autres termes, sur base d'une analyse de contenu (extraction des caractéristiques des images et de ses méta-informations, etc.), d'informations complémentaires en provenance de l'utilisateur (temps souhaité de traitement, qualité de service, ...) et éventuellement d'une base de connaissances guidant le choix d'une ou plusieurs méthodes de recalage, **un éditeur spécialisé à la coregistration devrait proposer, exécuter, et enchaîner les composants de traitement et visualisation adéquats permettant la résolution du problème.**

La conception d'un tel module et l'implémentation qui s'en suit, basées donc désormais sur une démarche orientée objets, comprennent plusieurs stades... et tout d'abord celui de **définir un premier modèle d'informations conceptuel statique du problème. Nous en proposons dans ce chapitre une architecture en quatre couches** dont les bases sont les suivantes :

- Au *niveau de base* ou au tout premier niveau, **le niveau Image**, on retrouve **l'image médicale et les différents objets qui la composent**, notamment les **"Raw Data"** (ou données brutes de pixels) et ses **données contextuelles**.
- Au *second niveau*, on découvre **quatre classes d'objets définissant les quatre grandes dimensions du recalage : les caractéristiques, la transformation, la fonctionnelle d'appariement et la procédure d'optimisation**. Chacune aurait bien entendu ces champs de même que ces méthodes particuliers².
- Au *troisième niveau dit de Stratégie*, plusieurs classes permettent de **rassembler ces quatre dimensions et d'apporter à l'architecture son premier niveau d'abstraction**. En fait, d'une part, elles rassemblent les informations nécessaires au recalage et déduites de l'interaction avec l'utilisateur (les images "brutes" à traiter et les quatre dimensions précitées), et d'autre part, **elles regroupent des stratégies connues qui vont s'occuper de la réalisation du recalage proprement dit**. On remarquera qu'à un ensemble de paramètres d'entrée peuvent éventuellement correspondre plusieurs stratégies.
- Finalement, au quatrième et **dernier niveau**, se situe une **classe de haut niveau permettant de gérer l'ensemble de la problématique : le client**, ou plus précisément l'éditeur spécialisé... qui n'est en fait qu'une **interface graphique d'entrées/sorties permettant entre autres de lancer la tâche de coregistration**.

4.2 Notre Modélisation Orientée Objets de la coregistration

Notre modèle conceptuel statique en quatre couches sera dévoilé dans la suite de cette section ! Signalons seulement auparavant que d'une part, nous nous basons sur le **langage de modélisation UML**³ ainsi que sur ses différentes notations⁴ pour le représenter graphiquement, et que d'autre part, nous utilisons, dans notre schéma conceptuel statique décrivant notre modèle, quelques outils évolués de plus en plus rencontrés dans l'étude et le développement de solutions orientées objets. Ces outils, communément nommés **Design Patterns**, sont décrits ci-dessous afin que chacun se fasse un idée de ce qu'ils représentent... et aussi pour commencer à comprendre pourquoi ils sont employés dans notre schéma.

² Remarquons qu'elles peuvent être étendues suivant les différentes catégories reprises dans le chapitre trois.

³ Pour rappel, **UML** est l'acronyme de l'expression anglaise **Unified Modeling Language**.

⁴ Nous avons réalisé dans les annexes une courte présentation non exhaustive des principales notations dont nous nous sommes servis... Nous supposons, vu le succès croissant de ce langage et vu qu'il tend à devenir le standard, qu'il est bien connu... ou pour le moins facilement compréhensible !

4.2.1 Les Design Patterns utilisés dans notre conception Orientée Objets

4.2.1.1 Qu'est-ce qu'un *Design Pattern* ?

Un *Design Pattern* (ou *modèle de conception*) **dénomme, commente, et explique une démarche générale dont relèvent des problèmes de conception rencontrés fréquemment dans les systèmes orientés objets**⁵. L'interprétation de ce qu'est ou n'est pas un modèle, est affaire de point de vue. Un simple modèle pour l'un, peut être la pierre angulaire de l'édifice d'un autre... Mais en tout cas, ces **Design Patterns** font la *description d'objets coopératifs et de classes que l'on a spécialisés pour résoudre un problème général de conception dans un contexte particulier*.

Concrètement, **un modèle de conception isole et identifie les principes fondamentaux d'une structure générale, pour en produire un moyen utile à l'élaboration d'une conception orientée objets réutilisable**. Il détermine donc les classes et les instances intervenantes, leurs rôles et leur coopération, ainsi que la part de contribution de chacune. Chaque modèle se consacre à un problème ou à une solution particulière de conception orientée objets, décrit les circonstances où il s'applique, son adéquation éventuelle à d'autres types de contraintes de conception, ainsi que les effets résultants de sa mise en œuvre, et finalement les compromis sous-tendus.

En général, un Design Pattern possède donc *quatre éléments essentiels* :

- le **nom de modèle** qui est un **moyen de décrire en un ou deux mots un problème particulier de conception, ses solutions ainsi que leurs conséquences**. Donner un nom à un modèle accroît immédiatement le vocabulaire de conception et permet de le communiquer à des tiers, nanti de ses variantes de compromis.
- le **problème** qui **dépeint les situations où le modèle s'applique**. Il expose ainsi le sujet à traiter et son contexte.
- la **solution** qui **détaille les éléments constituant la conception, les relations entre eux, leurs parts dans la solution et leur coopération**⁶. La solution ne décrit pas un modèle précis, ni une implémentation, puisqu'un modèle est une sorte de "*template*" s'appliquant dans diverses situations. Le modèle procure plutôt la description générique d'un problème de conception, et indique comment un agencement d'éléments peut le résoudre.
- et enfin, les **conséquences** qui sont les **effets résultants de la mise en œuvre du modèle et les variantes de compromis que celle-ci entraîne**. Bien que rarement évoquées, elles s'avèrent quand même déterminantes pour l'évaluation des alternatives de conception et pour l'appréciation des avantages et des inconvénients de l'application du modèle.

4.2.1.2 Les trois grandes classes de *Design Patterns*

Les *Design Patterns* peuvent se partager en **trois groupes** : ils peuvent avoir un **rôle** soit **créateur**, soit **structurel**, soit encore **comportemental** :

- Les **modèles créateurs concernent le processus de création d'objets** : ils délèguent l'instanciation des objets à un autre objet. Nous parlerons plus loin d'un de ces modèles : le

⁵ Ces modèles de conception orientés objets sont une adaptation de modèles d'édification et de construction conçus à l'origine par un brillant architecte nommé Christopher ALEXANDER. En effet, tout part d'une idée géniale qui l'a traversé et que l'on peut résumer par l'une de ses citations : " *Chaque modèle décrit un problème se manifestant constamment dans notre environnement... donc décrit le cœur de la solution de ce problème, d'une façon telle que l'on peut réutiliser cette solution des millions de fois, sans jamais le faire deux fois de la même manière* ".

⁶ En clair, c'est un ensemble organisé d'objets et de classes, particularisée et développée afin de résoudre le problème dans un contexte spécifique.

Singleton.

- Les **modèles structuraux exposent les façons d'assembler les objets**, c-à-d étudient la **façon de composer des classes et des objets pour réaliser des structures plus importantes**. Le modèle **Composite** que nous allons d'ailleurs décrire et employer par la suite en est un exemple explicite.
- Les **modèles comportementaux précisent la coopération d'un groupe d'objets pour accomplir une tâche, qu'un objet unique ne pourrait mener à bien tout seul. Ils traitent ainsi des algorithmes et de l'affectation des responsabilités entre les objets**. Autrement dit, ils dégagent de la préoccupation d'avoir à suivre le flux de contrôle, pour permettre de se focaliser seulement sur la manière par laquelle les objets sont interconnectés. Là aussi, nous en aurons un exemple : celui du modèle **Stratégie**... qui se révélera important dans notre conception orientée objets.

4.2.1.3 Intérêts et apports des *Design Patterns*

On discerne énormément d'**avantages** à utiliser les *Design Patterns*. En voici toute une panoplie justifiant donc leur intégration dans le point qui nous préoccupe... à savoir la conception orientée objets du problème complexe⁷ de la coregistration d'images médicales !

- **La description d'un système ou d'un problème en termes des modèles de conception qu'il emploie, le rend beaucoup plus facile à décrypter et à comprendre.**
- **Les modèles de conception montrent comment utiliser les techniques de base, telle que objet, héritage et polymorphisme.** En outre, ils indiquent comment paramétrer un système fonction d'un algorithme, d'un comportement, d'un état, ou du type d'objets qu'il est sensé créer. Les modèles de conception **permettent donc de décrire le "pourquoi" d'une conception plutôt que constituer le simple recueil des décisions des concepteurs.**
- Les modèles de conception sont particulièrement **utiles dans le passage d'un modèle d'analyse et conception à un modèle de développement** car il faut bien se rendre compte que, **dans la réalité, la transition vers l'implémentation est tout sauf aisée.**
- **Une solution à un problème de conception maximisant la réutilisation se doit d'anticiper les besoins de futures fonctionnalités ainsi que ceux de modifications de celles existantes⁸,** c-à-d de faciliter son évolution dictée par cette anticipation. Une conception qui ne prendrait pas en compte de telles évolutions encourrait par la suite le **risque d'une refonte radicale...** avec notamment la reprise des définitions et du code des classes, des modifications de clients, ou encore de nouveaux tests supplémentaires. Ce qui se révèle **invariablement extrêmement coûteux, que ce soit en ressources humaines ou financières.** Les **Design Patterns permettent d'éviter tout cela**, en garantissant la capacité d'un problème ou d'un système à évoluer de façon spécifique... spécialement **en contribuant à la limitation de l'assujettissement aux plates-formes ou à l'organisation du système en couches⁹.** Ainsi, **chaque modèle de conception permet, à certains caractères de la structure du système, de varier indépendamment des autres, rendant ainsi, un système plus tolérant à un type particulier de changement !**
- **Finalement, ils augmentent la capacité de généralisation en mettant en évidence les moyens d'étendre les hiérarchies de classes, et le parti à tirer de la composition d'objets.**

⁷ Cette nature complexe a été largement démontrée dans toutes les parties précédentes de ce travail, et en particulier dans le chapitre 3.

⁸ Un telle solution doit donc assurer une grande facilité de *maintenance* !

⁹ C'est d'ailleurs ce que nous allons faire !

4.2.1.4 Comment se décrivent ces *Design Patterns* ?

Essentiellement par des *notations graphiques* ! Cependant, quoique importantes et très utiles, ces dernières sont **tout à fait insuffisantes**. Elles ne permettent de représenter le produit final du processus de conception qu'au plan des relations entre classes et objets. Pour pouvoir réutiliser le modèle, il est également plus que nécessaire d'exprimer les orientations, les alternatives, les compromis qui conduisent à l'utiliser et éventuellement quelques exemples concrets¹⁰. Nous allons donc convenir d'un **canevas de description unique pour les trois modèles de conception dont nous nous servons dans la suite de ce chapitre**. Ainsi, pour chacun d'eux, nous ferons **allusion à leurs motivations ou/et indications d'utilisation, structure, constituants, collaborations, conséquences, implémentation** et éventuellement aussi à un exemple de code !

4.2.1.5 Brève présentation des trois *Design Patterns* utilisés dans notre conception orientée objets

4.2.1.5.1 Le Design Pattern *Composite*

Le *Design Pattern Composite* est un **modèle** de conception *structurel* qui **compose des objets en des structures arborescentes pour représenter des hiérarchies composant/composé**. Il permet au client de traiter de la même et unique façon les objets individuels et des combinaisons de ceux-ci.

Motivations d'utilisation

Les applications graphiques telles que les éditeurs de dessin et les systèmes de représentation schématique, permettent à l'utilisateur de construire des diagrammes complexes à partir de composants simples. L'utilisateur peut grouper les composants pour en former de plus grand, qui, à leur tour, pourront être groupés pour former des composants encore plus grands. Une implémentation simple peut définir des classes primitives graphiques telles que Textes et Lignes, assorties, de plus, de quelques autres classes, jouant le rôle de conteneur pour ces primitives.

Il y a cependant une **difficulté avec cette approche** : le **code manipulant ces classes doit traiter différemment les objets primitives et ceux conteneurs, même si, la plupart du temps, les utilisateurs les traitent de la même façon**. Le fait d'avoir à effectuer cette distinction entre objets complique l'application.

Le *modèle Composite* décrit l'utilisation de la composition récursive, dispensant les clients d'avoir à réaliser cette discrimination.

L'élément fondamental du *modèle Composite* est une **classe abstraite représentant, à la fois, les primitives et leurs conteneurs**. Dans le cas de systèmes graphiques, **cette classe** est appelée *Graphique*. Elle **déclare des opérations**, telles que *Dessine*, **particulières** aux objets graphiques, **ainsi que d'autres que partagent tous les objets composites**, telles que celles d'accès à ses enfants et de gestion de ceux-ci.

Les sous-classe *Ligne*, *Rectangle* et *Texte* définissent les objets graphiques primitives. Ces classes implémentent *Dessine* pour dessiner respectivement des lignes, des rectangles et des textes. **Attendu que ces primitives graphiques n'ont pas de descendants graphiques, aucune de ces sous-classes n'implémente d'opération relatives aux enfants**.

¹⁰ Car ils offrent la possibilité de constater "*de visu*" le fonctionnement du modèle en question.

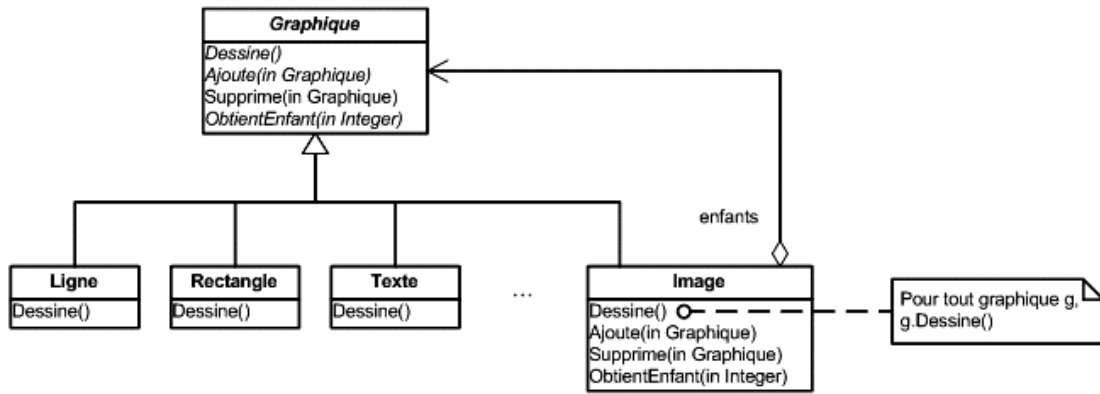


Figure 4.1 - Exemple d'utilisation du modèle de conception Composite dans le cas d'un éditeur graphique ([Ouv34]).

La classe *Image* définit un agrégat d'objets graphiques. *Image* implémente l'opération *Dessine* de façon qu'elle appelle l'opération *Dessine* de ses enfants, et implémente les opérations relatives aux enfants, en conséquence. Comme l'interface d'*Image* est conforme à l'interface de *Graphique*, les objets *Image* peuvent composer récursivement d'autres objets *Image*. Le diagramme suivant montre une structure typique d'objet composite, d'objets *Graphique* composés récursivement.

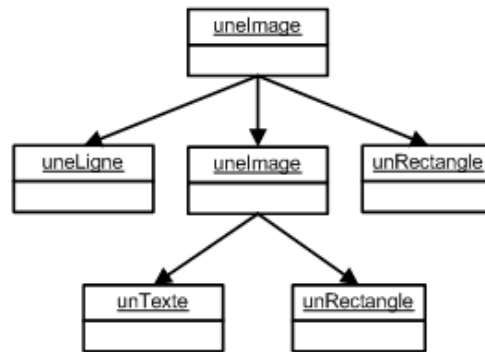


Figure 4.2 - Structure type d'objets graphiques composés récursivement ([Ouv34]).

Indications d'utilisation

On utilisera le modèle Composite lorsque l'on désire représenter des hiérarchies, de l'individu à l'ensemble, ou lorsque l'on souhaite que le client n'ait pas à se préoccuper de la différence entre combinaisons d'objets et objets individuels. Dans ce dernier cas, les clients pourront traiter de façon uniforme tous les objets de la structure composite.

Structure

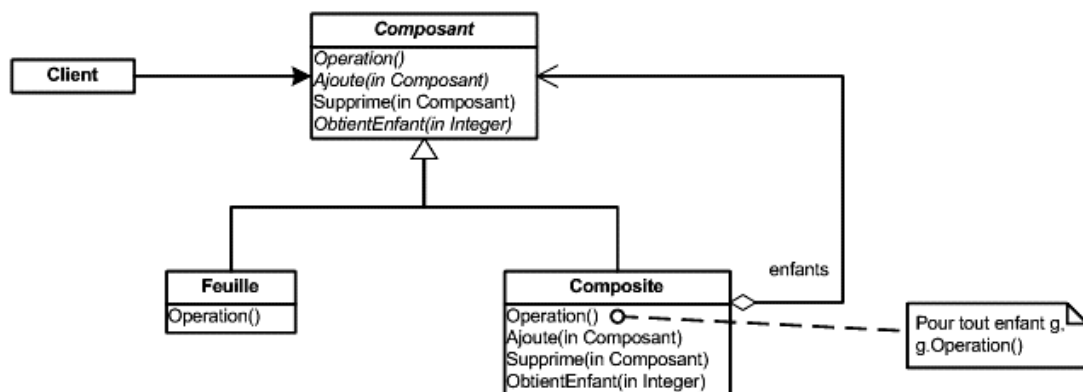


Figure 4.3 - Structure du Design Pattern COMPOSITE ([Ouv34]).

Une structure d'objets composite, pourra alors avoir la structure typique suivante :

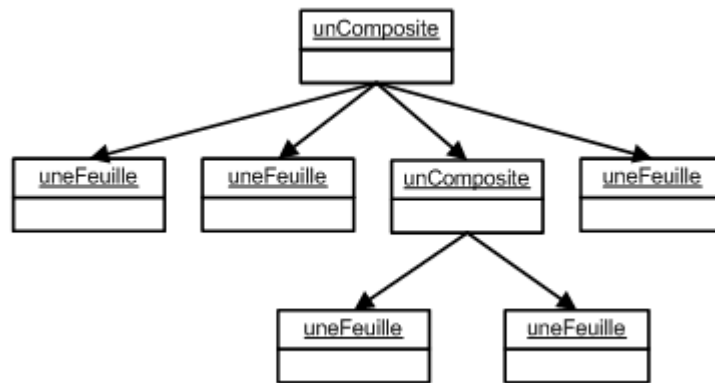


Figure 4.4 - Structure type d'objets composite composés récursivement ([Ouv34]).

Constituants

Dans ce modèle, on dénombre quatre constituants différents :

- Le **Composant** qui déclare l'interface des objets entrant dans la composition, ainsi qu'une autre pour accéder à ses composants enfants et les gérer, et qui implémente le comportement par défaut qui convient pour l'interface commune à toutes les classes,.
- La **Feuille** qui définit le comportement d'objets primitives dans la composition et n'a pas d'enfants.
- Le **Composite** qui définit le comportement des composants dotés d'enfants, qui stocke les composants enfants et qui implémente les opérations liées à ces derniers dans l'interface *Composant*.
- Le **Client** qui manipule les objets de la composition à l'aide de l'interface *Composant*.

Collaborations

Les clients utilisent l'interface de la classe *Composant* pour manipuler les objets de la structure composite. Si l'objet manipulé est une feuille, la requête est traitée directement. Si c'est un composite, il transfère généralement cette requête à ses composants, en effectuant éventuellement des opérations supplémentaires avant et/ou après ce transfert.

Conséquences

Le modèle Composite

- **définit des hiérarchies de classes consistant en des objets primitives et des objets composites.** Les objets primitives peuvent être combinés en des objets plus complexes, qui à leur tour peuvent être composés, et ainsi de suite récursivement. Partout où le code client sollicite un objet primitive, il peut aussi utiliser un objet composite
- **simplifie le niveau client. Le client peut traiter à l'identique les structures composites et les objets individuels.** Les clients, normalement, ignorent s'ils utilisent un composant feuille ou un composite.
- **rend plus facile l'adjonction de nouveaux types de composants.** Les sous-classes de *Composite* ou de *Feuille* nouvellement définies, fonctionneront automatiquement avec les structures et le code client existants. Il ne sera pas nécessaire de modifier le *client*, pour introduire de nouvelles classes de *Composant*.

- **peut rendre une conception excessivement générale.** Faciliter l'addition de nouveaux composants a pour **contrepartie de rendre difficile l'imposition de contraintes sur la composition d'un composite**. On souhaitera, parfois, qu'un composite ne comporte que certains composants : avec *Composite*, on ne peut se reposer sur le système du contrôle de type, pour résoudre cette contrainte particulière sans intervention du développeur. Il est alors préférable d'utiliser un contrôle à l'exécution.

Implémentation

De nombreux points sont à prendre en compte dans le développement d'un *modèle Composite* :

1. **Partage de composants.** Il est souvent utile de partager les composants, pour réduire par exemple les besoins de stockage mémoire. Mais si un composant ne peut avoir plus d'un parent, ce partage de composants devient difficile. Une solution possible consiste, pour un enfant, à stocker les références de plusieurs parents. Mais cela peut conduire à des ambiguïtés lorsqu'une requête remonte dans la structure.
2. **Maximisation de l'interface Composant.** L'un des buts du *modèle Composite* est de dissimuler aux clients les classes *Feuille* ou *Composite* spécifiques qu'ils utilisent. Pour atteindre ce but, la classe *Composant* doit définir le plus grand nombre possible d'opérations communes aux classes *Composite* et *Feuille*. La classe *Composant* fournit habituellement des implémentations par défaut de ces opérations, et les sous-classes *Feuille* et *Composite* les surchargent. Cependant, ce but entrera parfois en conflit avec le principe de conception de hiérarchies de classes, qui décrète qu'une classe ne doit définir que les opérations qui ont un sens pour ces sous-classes. Il y a beaucoup d'opérations supportées par *Composant*, qui ne semblent pas avoir de signification pour les classes *Feuille*. Comment *Composant* peut-il alors fournir une implémentation par défaut ? Un peu de créativité montre parfois comment une opération, ne semblant avoir de signification que pour des composites, peut être implémentée pour tous les composants, en prenant place dans la classe *Composant*. Par exemple, l'interface permettant l'accès aux enfants est fondamentale pour une classe *Composite*, mais pas pour une classe *Feuille*. Comme une feuille n'a jamais d'enfant, alors on peut définir dans la classe *Composant* une opération par défaut d'accès aux enfants ne renvoyant jamais aucun enfant. Les classes *Feuille* peuvent utiliser l'implémentation par défaut, quant aux classes *Composite*, l'implémentation leur correspondant sera redéfinie afin qu'elles renvoient leurs enfants. Les opérations de gestion des enfants sont plus délicates et sont traitées au point suivant.
3. **Déclaration des opérations de gestion des enfants.** Bien que la classe *Composite* implémente les opérations *Ajouter* et *Supprimer* de gestion des enfants, un point important du *modèle Composite* est la détermination de la classe déclarant ces opérations dans la hiérarchie de la classe *Composite*. Faut-il déclarer ces opérations dans *Composant*, et leur donner une signification pour les classes *Feuille*, ou bien faut-il les déclarer et les définir seulement dans *Composite* et ses sous-classes ? La décision implique un compromis entre sécurité et transparence.

D'une part, définir l'interface de gestion des enfants dans la racine de la hiérarchie de classes, procure de la transparence, car on peut alors traiter uniformément tous les composants. Malheureusement, cela pénalise la sécurité car les clients peuvent tenter de faire des actions sans signification telles *Ajouter des objets à des feuilles*, ou leur en supprimer. D'autre part, définir la gestion des enfants dans la classe *Composite* procure de la sécurité, puisque toute tentative d'ajout ou de retrait d'objets des feuilles sera réfutée à la compilation. Mais on perd en transparence, du fait que feuilles et composites ont des interfaces différentes.

Dans ce modèle la transparence a été favorisée par rapport à la sécurité. L'unique façon de parvenir à la transparence est de définir dans *Composant* des opérations *Ajouter* et *Supprimer* par défaut. Cela introduit un nouveau problème : il est possible d'implémenter l'opération *Ajouter* dans *Composant* sans prendre en compte la possibilité de son échec. On

peut décider de ne rien faire dans ce cas, mais c'est ignorer une considération importante, à savoir que toute tentative d'ajout à une *Feuille* est probablement la conséquence d'un bogue. Dans ce cas, l'opération *Ajouter* rompt l'intégrité du composant par la perte d'une référence. On peut décider de supprimer l'argument de l'appel, mais ce n'est peut-être pas ce qu'attend le client. Généralement, il est **préférable de faire en sorte que *Ajoute* et *Supprime* provoquent une erreur par défaut** (éventuellement, en déclenchant une *exception*), **dans le cas où le composant n'est pas autorisé à avoir des enfants**, ou, autre cas, si l'argument de *Supprimer* n'est pas un enfant du composant.

4. **Ordonnement des enfants.** De nombreuses conceptions spécifient que les enfants d'un *Composite* sont ordonnés. Lorsque l'ordonnement des enfants doit être pris en compte, il faut concevoir avec soins les interfaces permettant l'accès aux enfants et la gestion de ces derniers, afin de pouvoir gérer les séquences d'enfants.
5. **Utilisation d'un cache pour l'amélioration des performances.** Si l'on a fréquemment besoin de parcourir des combinaisons ou d'y faire des recherches, **la classe *Composite* peut gérer par cache des informations de navigation ou de recherche concernant ses enfants**. Le *Composite* peut avoir en cache les résultats précis ou simplement des informations permettant des raccourcis de traversée ou de recherche. Remarquons que la modification d'un composant nécessite l'invalidation des caches de ses parents.
6. **Qui doit supprimer les composants ?** Dans les langages ne disposant pas de ramasse-miettes¹¹, il est **généralement préférable de laisser à un *Composite* la responsabilité de supprimer ses enfants, lorsqu'il est lui-même détruit**.
7. **Quelle est la meilleure structure de données pour le stockage des composants ?** Les *Composites* peuvent utiliser une **variété de structures de données pour stocker leurs enfants**, comprenant **listes chaînées, arbres, tableaux et tables de hachage**. Le choix des structures de données est lié à l'efficacité.

4.2.1.6 Le Design Pattern *Stratégie*

Le *Design Pattern Stratégie* est un *modèle* de conception *comportemental* qui **définit une famille d'algorithmes, encapsule chacun d'entre eux, et les rend interchangeables : il permet donc aux algorithmes d'évoluer indépendamment des clients qui les utilisent**. Nous verrons ci-dessous que les protagonistes du modèle sont les objets *Stratégie* (encapsulant différents algorithmes) et le contexte dans lequel ils opèrent. **La règle fondamentale de l'application du modèle stratégie, est de concevoir pour ce modèle et pour son contexte des interfaces suffisamment générales pour offrir le support de tout un ensemble d'algorithmes**. Il ne faudrait pas avoir à changer l'interface de stratégie ou du contexte lors de la prise en compte d'un nouvel algorithme.

Motivations d'utilisation

Il existe de **nombreux algorithmes pour découper un flot de texte en lignes**. Le codage en dur de tels algorithmes dans les classes mêmes qui les requièrent, n'est pas recommandé pour plusieurs raisons :

- Les **programmes client réclamant ce découpage en lignes, deviennent plus compliqués s'ils incorporent le code correspondant**. Ils deviennent **plus volumineux, et plus difficiles à maintenir**, surtout s'ils offrent toute une variété d'algorithmes de découpage.
- Il est **laborieux d'ajouter de nouveaux algorithmes ou de modifier ceux existants, lorsque le découpage en ligne fait partie intégrante du client**.

On peut éviter ce type de problème en définissant des classes qui encapsulent les divers

¹¹ Ou *Garbage Collector* en anglais.

algorithmes de découpage en lignes. Un algorithme encapsulé de la sorte est nommé **stratégie**

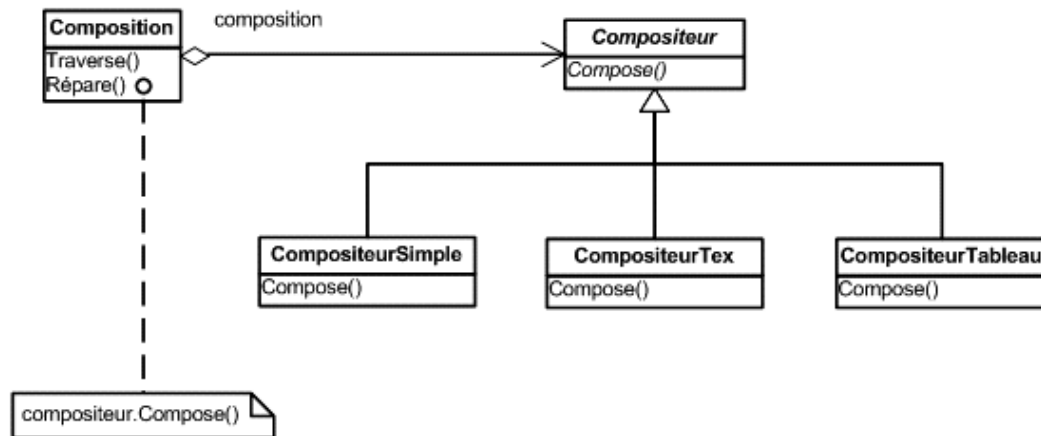


Figure 4.5 - Exemple d'utilisation du modèle de conception Stratégie dans le cas du découpage d'un flot de texte en lignes ([Ouv34]).

Supposons une classe *Composition* chargée de la gestion et de la mise à jour des ruptures de lignes d'un texte projeté à l'écran d'un afficheur de texte. Les stratégies de découpage en lignes ne sont pas implémentées par cette classe. En fait, elles le sont séparément par des sous-classes de la classe abstraite *Compositeur*. Les sous-classes de *Compositeur* implémentent différentes stratégies :

- *CompositeurSimple* implémente une stratégie simple déterminant les ruptures de lignes une à une.
- *CompositeurTeX* implémente l'algorithme TeX pour déterminer les ruptures de lignes. Cette stratégie tente d'optimiser globalement les ruptures de lignes, c'est à dire pour tout un paragraphe à la fois.
- *CompositeurTableau* implémente une stratégie qui choisit les ruptures de lignes de façon telle que chaque ligne contienne un nombre prédéterminé d'éléments. C'est pratique, par exemple, pour répartir une série d'icônes sur des lignes.

En fait, une *Composition* gère une référence à un objet *Compositeur*. Chaque fois qu'une *Composition* remanie le format de son texte, elle délègue cette responsabilité à son objet *Compositeur*. Le client de *Composition* précise celui des *Compositeur* qu'il choisit d'employer, en installant ce dernier dans la *Composition*.

Indications d'utilisation

On utilisera le *modèle Stratégie* dans les cas où :

- plusieurs classes apparentées ne diffèrent que par leur comportement. Les stratégies donnent le moyen d'appareiller une classe avec un comportement parmi plusieurs autres
- on a besoin de diverses variantes d'un algorithme. Par exemple, on peut définir des algorithmes représentant différents compromis encombrement mémoire/temps d'exécution. Les stratégies peuvent être utilisées quand ces variantes sont implémentées sous la forme d'une hiérarchie de classes d'algorithmes.
- un algorithme utilise des données que les clients n'ont pas à connaître. Utiliser la Stratégie dispense d'avoir à révéler des structures complexes de données spécifiques des algorithmes.
- une classe définit de nombreux comportements, qui figurent dans ses opérations sous la forme de déclarations conditionnelles multiples. Plutôt que laisser subsister ces expressions

conditionnelles, on déplacera les sections correspondantes aux différentes branches, dans des classes *Stratégie* qui leur sont propres.

Structure

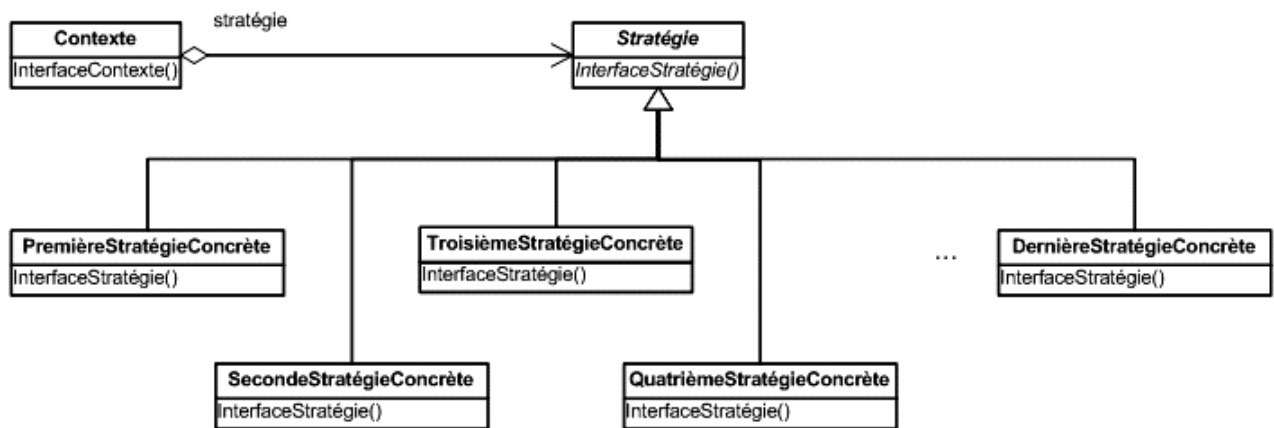


Figure 4.6 - Structure du Design Pattern STRATEGIE ([Ouv34]).

Constituants

Dans ce modèle, on dénombre trois constituants distincts :

- La *Stratégie* (classe abstraite) qui déclare une interface commune à tous les algorithmes représentés. Le *Contexte* utilise cet interface pour appeler l'algorithme défini par une *StratégieConcrète*.
- La *StratégieConcrète* qui implémente l'algorithme en utilisant l'interface *Stratégie*.
- Le *Contexte* qui est composé à l'aide d'un objet *StratégieConcrète*, qui gère une référence à un objet *Stratégie*, et qui peut définir une interface permettant à *Stratégie* d'accéder à ses données.

Collaborations

Stratégie et *Contexte* interagissent dans l'implémentation de l'algorithme choisi. Un *Contexte* peut fournir à la stratégie toutes les données que requiert cet algorithme, lorsqu'il est appelé. De même, le *Contexte* peut se communiquer lui-même, en tant qu'argument, aux opérations de *Stratégie*. C'est ce qui permet à la stratégie de se mettre en rappel sur le contexte en cas de besoin.

Un *Contexte* transmet les requêtes de ses clients à sa stratégie. En général, les clients créent un objet *StratégieConcrète*, et le passent au *Contexte*. Par la suite, les clients interagissent exclusivement avec le *Contexte*. Souvent, le client pourra choisir à partir d'une famille de classes *StratégieConcrète*.

Conséquences

Le modèle *Stratégie* possède les avantages et les inconvénients suivants :

- **Familles d'algorithmes apparentés.** Les hiérarchies de classes *Stratégie* définissent une famille d'algorithmes ou comportements réutilisables par les contextes. L'héritage peut faciliter l'isolation des fonctionnalités communes aux algorithmes.
- Une **solution alternative à la dérivation en sous-classes**. L'héritage représente un autre moyen de fournir une variété d'algorithmes ou de comportements. On peut directement dériver une

classe *Contexte*, pour la doter de nouveaux comportements. Mais cela a pour effet de coder en dur le comportement dans le contexte, donc de mélanger l'implémentation de l'algorithme avec celle du contexte, rendant ce dernier plus difficile à appréhender, maintenir, et enrichir. De plus, cela ne permet pas de modifier l'algorithme dynamiquement. On aboutit avec de nombreuses classes apparentées, qui n'ont pour seule différence que l'algorithme qu'elles emploient ou le comportement qui s'y rattache. **L'encapsulation de l'algorithme dans des classes séparées, permet de modifier les algorithmes indépendamment du contexte, en facilitant ainsi la substitution, la compréhension, et l'extension.**

- **Les stratégies dispensent de l'utilisation de déclarations conditionnelles.** Le *modèle Stratégie* offre une **solution alternative aux expressions conditionnelles permettant de choisir le comportement désiré**. Si différents comportements sont regroupés dans une même classe, il est difficile de ne pas utiliser les déclarations conditionnelles pour sélectionner les comportements adéquats. Encapsuler ceux-ci dans différentes classes *Stratégie*, permet de supprimer ce genre de déclarations. **La présence de nombreuses déclarations conditionnelles dans le code constitue souvent une indication d'utilisation du modèle *Stratégie*.**
- Un **choix d'implémentations**. Les stratégies peuvent proposer des **implémentations différentes pour le même comportement**. Le client peut choisir parmi les stratégies selon différents critères de vitesse d'exécution et d'encombrement mémoire.
- **Les clients doivent être informés des différentes stratégies disponibles.** Le modèle a un *inconvenient potentiel*, du fait que **le client doit avoir compris en quoi les diverses stratégies diffèrent avant de pouvoir choisir la plus appropriée**. Les clients peuvent être confrontés à des singularités de l'implémentation. **On ne doit donc utiliser le modèle *Stratégie* que lorsque les variantes de comportement présentent un intérêt pour les clients.**
- **Surcharge dans les communications entre *Stratégie* et *Contexte*.** L'interface *Stratégie* est partagée par toutes les classes *StratégieConcrète*, que l'algorithme qu'elles implémentent soit banal ou complexe. Aussi est-il probable que certaines classes *StratégieConcrète* n'utiliseront pas toute l'information qui leur est passée par le biais de l'interface. Des *StratégieConcrètes* simples pourront même n'en utiliser aucune ! Ce qui signifie qu'il se produira des cas où le contexte crée des paramètres et les initialise, alors qu'ils ne seront pas utilisés. En pareil cas, il conviendra d'assurer un couplage plus fort entre *Stratégie* et *Contexte*.
- **Prolifération du nombre des objets.** Les stratégies augmentent le nombre des objets présents dans une application. On pourra quelquefois réduire cet excès en implémentant des stratégies en forme d'objets dépourvus d'état, et qui peuvent être partagés par les contextes. Tout état restant est géré par le contexte, et lors de chaque requête, communiqué par lui à l'objet *Stratégie*.

Implémentation

Nous allons expliquer de manière intelligible et non ambiguë ce qui concerne la **définition des interfaces *Stratégie* et *Contexte***. Les interfaces de *Stratégie* et de *Contexte* doivent assurer à une *StratégieConcrète* l'accès efficace à toute donnée d'un *Contexte* dont elle a besoin, et vice versa.

Une **solution** consiste à faire que *Contexte* passe les données aux opérations de *Stratégie*, sous forme de paramètres, c-à-d en d'autres termes apporte les données à la *Stratégie*. Cela conserve le découplage de *Stratégie* et de *Contexte*. En revanche, *Contexte* peut communiquer à *Stratégie* des données qui ne lui servent à rien.

Dans une autre technique, le *Contexte* fournit sa propre référence en argument, et la *Stratégie* lui réclame explicitement les données. Ou bien encore, la *Stratégie* conserve une référence à son *Contexte*, éliminant ainsi la nécessité de passer quoi que ce soit. Dans les deux cas, la stratégie peut réclamer exactement ce dont elle a besoin. Mais le *Contexte* doit définir une interface

plus élaborée pour l'accès à ses données, ce qui accroît le couplage entre *Stratégie* et *Contexte*.

Les besoins de l'algorithme spécifique et ses besoins en données détermineront quelle technique est la plus adaptée.

4.2.1.7 Le Design Pattern Singleton

Le *Design Pattern Singleton* est un modèle de conception de création qui garantit qu'une classe n'a qu'une seule instance et qui fournit un point d'accès de type global à cette classe.

Motivations d'utilisation

Il est important pour certaines classes de n'avoir qu'une seule instance. Alors qu'il peut y avoir de nombreuses imprimantes dans un système, il ne doit y avoir qu'un seul serveur d'impression. De même, il ne doit y avoir qu'un seul gestionnaire de fenêtres.

Comment assurer qu'une classe n'a qu'une instance, et que cette dernière est facilement accessible ? Une variable globale permet d'accéder à un objet, mais elle n'empêche pas des instanciations multiples de cet objet.

Une meilleure solution consiste à confier à la classe elle-même la responsabilité d'assurer l'unicité de son instance. La classe peut ainsi garantir qu'aucune autre instance ne sera créée (en interceptant les requêtes demandant à produire de nouveaux objets), et elle peut fournir un moyen pour accéder à cette instance. C'est le *modèle Singleton*.

Indications d'utilisation

On utilisera le *modèle Singleton*

- s'il doit n'y avoir exactement qu'une instance d'une classe, qui, de plus, doit être accessible aux clients en un point déterminé.
- si l'instance unique doit être extensible par dérivation en sous-classe, et si l'utilisation d'une instance étendue doit être permise aux clients, sans qu'ils aient à modifier leur code.

Structure

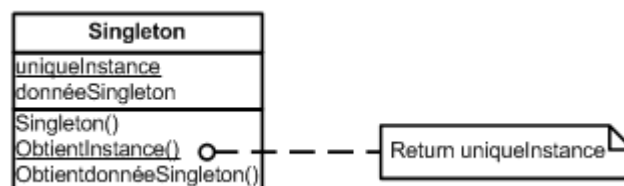


Figure 4.7 – Structure du Design Pattern SINGLETON ([Ouv34]).

Constituants

Dans ce modèle, on dénombre donc un seul constituant : le *Singleton* qui définit une opération *ObtientInstance* donnant au client l'accès à son unique instance. *ObtientInstance* est une opération de classe (c'est-à-dire une méthode statique en Java). Il peut aussi avoir la charge de créer sa propre instance unique.

Collaborations

Les clients accèdent à l'instance d'un *Singleton* par le seul intermédiaire de l'opération *ObtientInstance* de *Singleton*.

Conséquences

Le *modèle Singleton* a de nombreux avantages :

- **Accès contrôlé à une instance unique.** Du fait que la classe *Singleton* encapsule son unique instance, elle peut contrôler exactement comment et quand les clients y accèdent.
- **Raffinement des opérations et de la représentation.** La classe *Singleton* peut être étendue par dérivation, et l'on peut facilement constituer une application avec une instance de cette classe étendue. On peut composer l'application, à l'exécution, avec une instance de la classe recherchée.
- **Autorise un nombre variable d'instances.** Le modèle permet de changer de stratégie en autorisant plus d'une instance de la classe *Singleton*. De plus, on peut utiliser la même approche pour contrôler le nombre d'instances demandées par l'application. Seules les opérations garantissant l'accès à l'instance de *Singleton* doivent changer alors.

Implémentation

Quelques points doivent être pris en considération lors de l'utilisation du *modèle Singleton* :

- **Garantir l'unicité d'une instance.** Le modèle du *Singleton* traite l'instance unique comme une instance normale d'une classe, mais cette classe est écrite de telle sorte que seule une instance puisse être créée. Une façon habituelle de réaliser cela est de cacher l'opération de création de l'instance dans une opération de classe (méthode statique) qui fait qu'une seule instance est créée. Cette opération a accès à la variable, au membre qui fait référence à l'instance unique, et elle s'assure que cette variable est bien initialisée avec l'instance unique avant de renvoyer la valeur. C'est ce qui garantit qu'un singleton est créé et initialisé avant sa première utilisation. On peut définir l'opération de classe Java avec la méthode statique *ObtientInstance* de la classe *Singleton*. Ce *Singleton* définit également une variable membre statique *uniqueInstance* contenant un pointeur, une référence sur son unique instance. La classe *Singleton* ressemble alors à (déclaration + implémentation) :

```
class Singleton

{

    private static Singleton uniqueInstance = null;

    private donnéeSingleton;

    // emplacement de l'interface existante

    protected Singleton() {...}

    public static Singleton ObtientInstance()

    {

        if (uniqueInstance == null) {uniqueInstance = new Singleton();}

        return uniqueInstance;

    }

    public donnéeSingleton ObtientdonnéeSingleton()

    {
```

```

        return donnéeSingleton;
    }
}

```

Les clients accèdent au singleton uniquement par l'intermédiaire de l'opération statique *ObtientInstance*. Le variable *uniqueInstance* est initialisée à null. La méthode statique *ObtientInstance* renvoie sa valeur après l'avoir, si elle est égale à null, initialisée avec l'instance unique. *ObtientInstance* utilise donc l'initialisation retardée : la valeur que renvoie cette fonction n'est ni créée, ni mémorisée tant qu'elle n'a pas eu son premier accès. Noter que le constructeur est protégé. Un client qui tenterait d'instancier *Singleton* directement aurait un diagnostic d'erreur à la compilation. Ceci garantit qu'une seule instance puisse être créée.

- **Dérivation de la classe Singleton** . Le principal problème ne réside pas tant dans la définition de la sous-classe, que dans l'installation de celle-ci, afin que les clients puissent l'utiliser. Par définition, la variable qui fait référence à l'instance du singleton doit être initialisée avec une instance de la sous-classe. La technique la plus simple consiste à prédéterminer le singleton que l'on souhaite utiliser dans l'opération *ObtientInstance* du *Singleton*. Un exemple de la section "Exemple de code" montre comment implémenter cette technique avec des variables d'environnement. Un autre moyen pour choisir la sous-classe de *Singleton* est de tirer l'implémentation de *ObtientInstance* de la classe parente et de la placer dans la sous-classe. Cela permet au programmeur de décider de la classe de *Singleton* au stade de l'édition de liens (par adjonction d'un fichier objet contenant une implémentation différente) mais la garde cachée aux clients du singleton. L'approche "lieur" fixe le choix de la classe *Singleton* au moment de l'édition de liens, ce qui rend difficile le choix la classe *Singleton* à l'exécution. L'utilisation de déclarations conditionnelles pour déterminer les sous-classes est plus souple, mais il impose de définir en dur l'ensemble des classes *Singleton* possibles. Aucun des cas ne constitue une approche suffisamment pratique.

Exemples de code

Supposons que nous définissions une classe *FabriqueDedale* pour construire des labyrinthes. Ses sous-classes permettent de redéfinir les opérations afin de renvoyer des instances de classes de produits spécialisés, tels que des objets *MurBombarde* plutôt que de simples objets *Mur*.

Pour simplifier, nous supposons tout d'abord qu'il ne sera pas fait de dérivation de sous-classes de *FabriqueDedale* . Nous en ferons une classe *Singleton* en Java en ajoutant une opération statique *ObtientInstance* et un membre statique *uniqueInstance* pour gérer la seule et unique instance. Il faut également protéger le constructeur pour prévenir les instanciations accidentelles, qui pourraient conduire à des duplications d'instances.

```
Class FabriqueDedale
```

```

{
    private static FabriqueDedale uniqueInstance = null;

    // emplacement de l'interface existante

    protected FabriqueDedale(){...}

    public static FabriqueDedale ObtientInstance{}

    {

        if (uniqueInstance == null) {uniqueInstance = new FabriqueDedale();}
    }
}

```

```
        return uniqueInstance;
    }
}
```

Considérons à présent ce qui se produit lorsqu'il existe des sous-classes de *FabriqueDedale*, et que c'est au niveau de l'application qu'il faut décider de celle à utiliser. La variété de labyrinthe sera déterminée par l'intermédiaire d'une **variable d'environnement**, et le **code concrétisant l'instance de la sous-classe *FabriqueDedale*** sera ajouté en adéquation avec la valeur de la **variable**. L'opération *ObtientInstance* est le lieu qui convient pour implémenter ce code car il réalise déjà l'instanciation de *FabriqueDedale* :

```
public static FabriqueDedale ObtientInstance{
{
    if (uniqueInstance == null )
    {
        final char VarieteDeDedale = getEnvironnement("VARIETE_DE_DEDALE");

        if (CompareString(VarieteDeDedale, 'bombardée') == true)
            {uniqueInstance = new FabriqueDedalePiegée;}

        else if (CompareString(VarieteDeDedale, 'enchantée') == true)
            {uniqueInstance = new FabriqueDeDedaleEnchantée;}

        // ... autre sous-classes possibles

    else
    {
        // par défaut

        uniqueInstance= new FabriqueDedale();
    }
}

return uniqueInstance;
}
```

Néanmoins, il faut noter que *ObtientInstance* doit être modifiée chaque fois qu'est définie une nouvelle sous-classe de *FabriqueDedale* !

4.2.2 Les Schémas et leurs commentaires

Voici notre modèle conceptuel en quatre couches !

Au **niveau de base** (la première couche), vous avez **toutes les classes concernant de près l'image médicale**, c-à-d la classe *MedicalImage* elle-même, ses composants *MedicalImageContext* et *RawDataBuffer*, représentant respectivement le contexte administratif et technique de l'image ainsi que sa partie stockage de données brutes... dont nous avons déjà parlé au chapitre Deux dans la partie dédiée à la définition d'une image médicale.

Elle comprend également la classe *RenderedMedicalImage* responsable du rendu et de sa visualisation. Cette dernière est elle-même la composition d'une image médicale ainsi que de modèles de couleurs et d'échantillonnage des données brutes !

Au **second niveau**, c-à-d à la **couche Eléments Constitutifs**, on retrouve les **quatre composantes définies en long et en large dans le chapitre Trois**, qui ne sont pas toujours indépendantes¹² ! Les classes les représentant peuvent bien évidemment faire l'objet d'extensions mais nous en parlerons pas dans la suite de cette section. Signalons seulement que l'on peut reprendre les classifications de ces composantes pour s'inspirer !

Au **troisième niveau**, la couche que nous avons appelée **couche Stratégie**, nous avons le **cœur de notre modèle conceptuel** : c'est ici que va être défini l'ensemble des **stratégies de coregistration**. Cela a été rendu possible par l'**utilisation du Design Pattern Stratégie** présenté ci-dessus. **Toutes les conditions étaient réunies pour l'utiliser : il nous permet bien de définir une famille d'algorithmes, d'encapsuler chacun d'eux et surtout de les rendre interchangeables !** Il offre aussi la possibilité d'éviter d'implémenter par la suite du code comportant de nombreuses déclarations conditionnelles ou mieux encore de rajouter de nouvelles stratégies concrètes sans à avoir à bouleverser tout le code existant. Le **schéma 4.12** est **suffisamment parlant pour comprendre comment le modèle de conception s'applique ici... d'autant plus que nous y avons joint du pseudo-code permettant d'éclairer la compréhension de ce modèle !**

Notre **client**, la classe de la **couche quatre** appelée *MedicalImageSpecialEditor*, peut choisir parmi les stratégies selon différents critères qu'il connaît... et réalisera cela par l'intermédiaire de la classe *RegistrationContext* qui passera, quant à elle, toutes les informations nécessaires à la stratégie concrète concernée. Remarquons que nous avons expliqué que le client devait avoir compris en quoi les diverses stratégies différaient avant de pouvoir choisir la plus appropriée et que cela constituait une faiblesse du Design Pattern. Mais dans le cas de notre problème, c'est assez opportun et bénéfique... car pour coregistrer, l'utilisateur via le client se doit de connaître les stratégies qu'il peut éventuellement adopter ! Effectivement, rappelons-nous que pour telle ou telle image, ou pour telle mesure de similarité, tous les possibilités ne sont pas envisageables !

Finalement, notre quatrième couche se compose d'une **unique classe**, le client *MedicalImageSpecialEditor* qui va lancer différents processus comme, entre autres, **celui de coregistration**.

Signalons encore que nous utilisons les **deux Design Patterns Composite et Singleton** pour la conception de notre *MedicalImage*. Ils permettent respectivement de traiter de la même et unique façon les différents types d'images médicales (2D, 3D, 4D, etc.), et de définir univoquement la modalité de l'image médicale considérée. Signalons que le Design Pattern Composite appliqué ici va tout de même entraîner des **redondances de certains attributs**; il faudra donc étudier à l'étape d'implémentation comment on pourrait remédier à cela sans remettre en question la représentation adoptée au niveau conceptuel.

Finalement, nous renvoyons les lecteurs aux différents schémas ci-dessous pour avoir plus de précisions sur certaines classes sur le contexte médical ou les buffers de données brutes !

¹² Pour mémoire, certaines procédures d'optimisation sont fortement reliées à certaines fonctionnelles d'appariement.

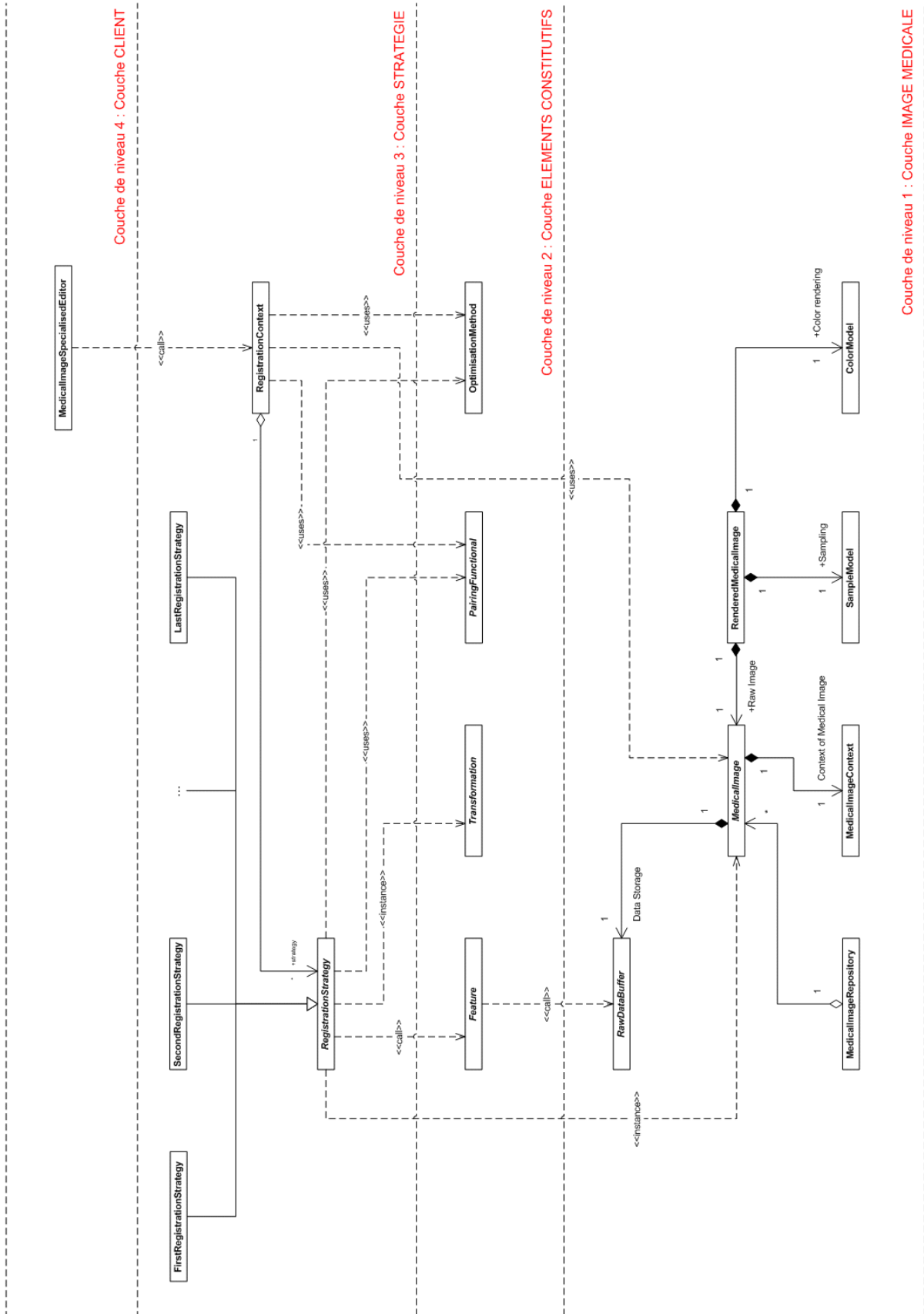


Figure 4.8 - Notre modèle en quatre couches.

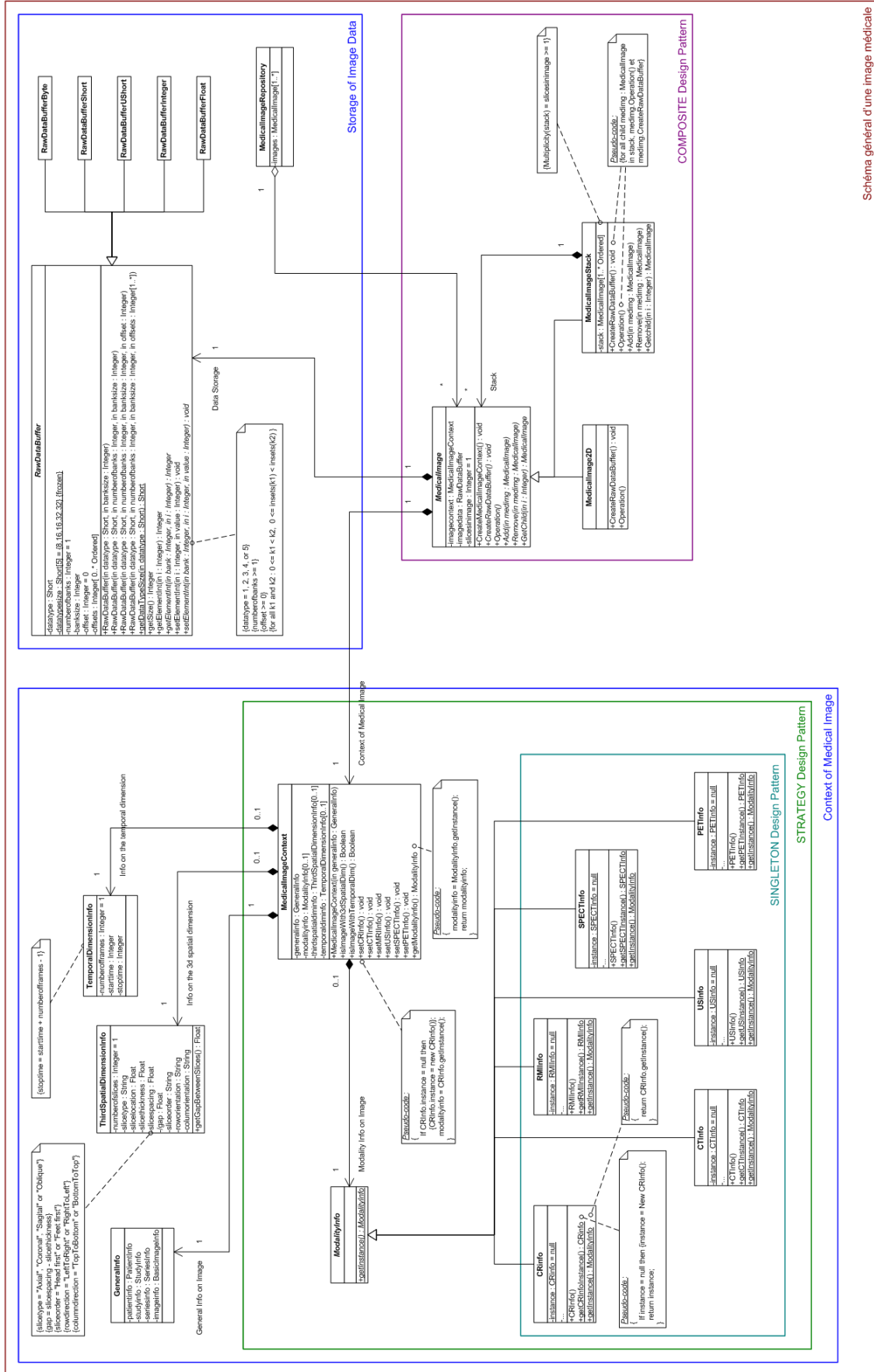
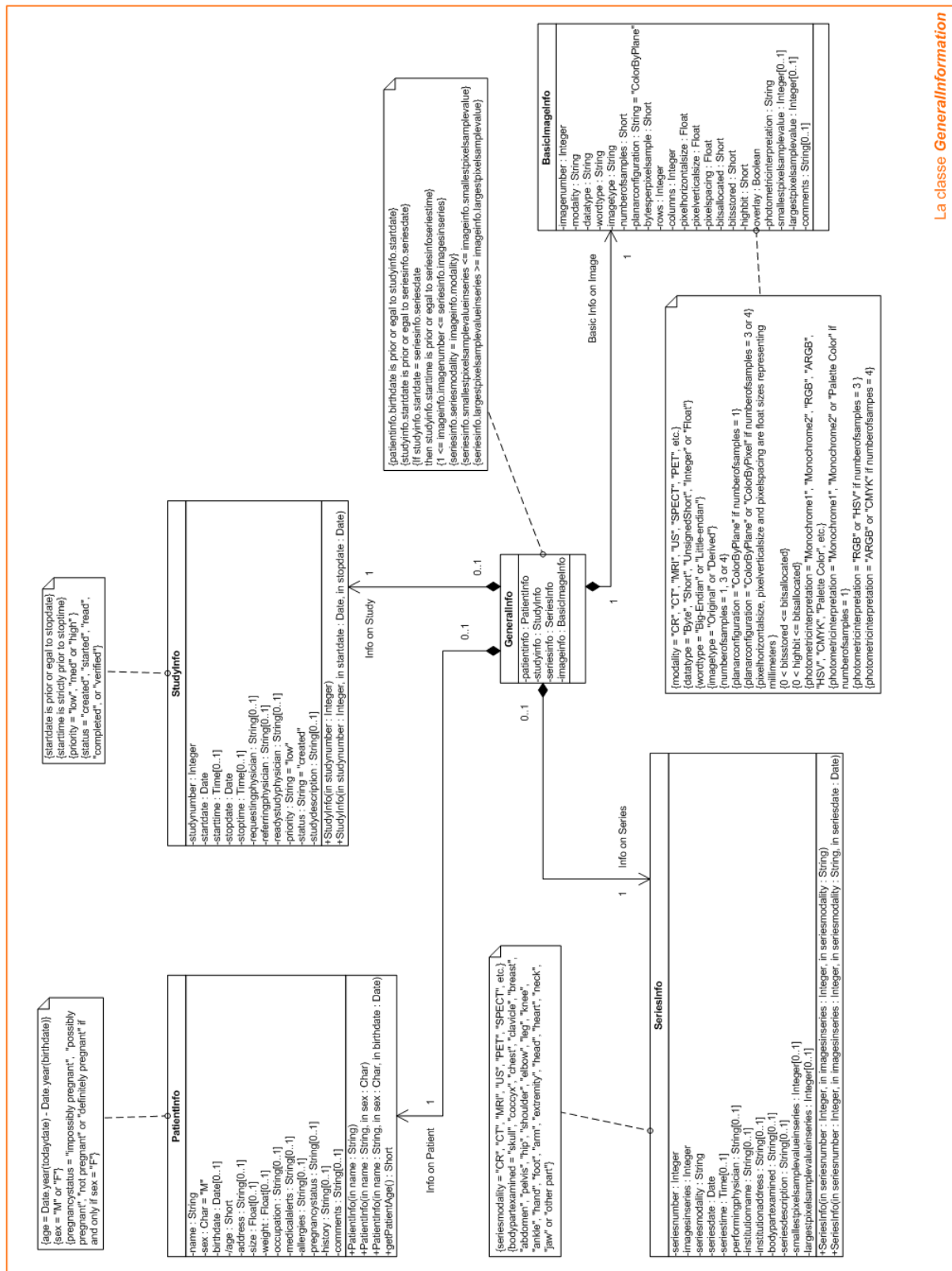


Figure 4.9 - Schéma plus soigneux des différentes classes intervenant directement dans la composition de la classe MedicalImage, avec l'utilisation et la description des Design Patterns COMPOSITE et SINGLETON (Attention : La partie sur la visualisation n'y est pas détaillée.).



La classe **GeneralInfo**

Figure 4.10 - Schéma détaillé de l'information contextuelle générale de notre image médicale.

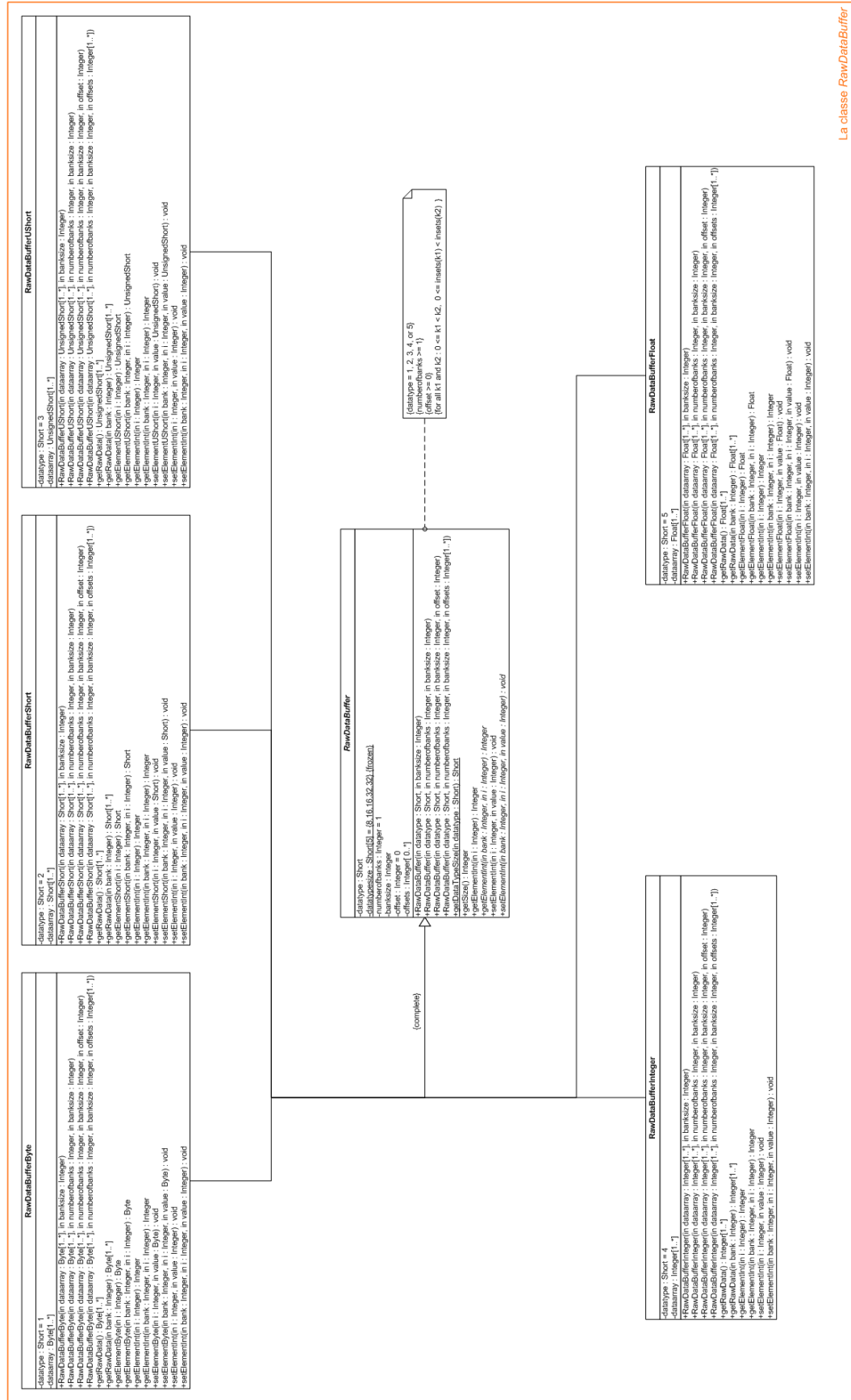


Figure 4.11 - Schéma décrivant les différentes sortes de classes concrètes étendant la classe RawDataBuffer.

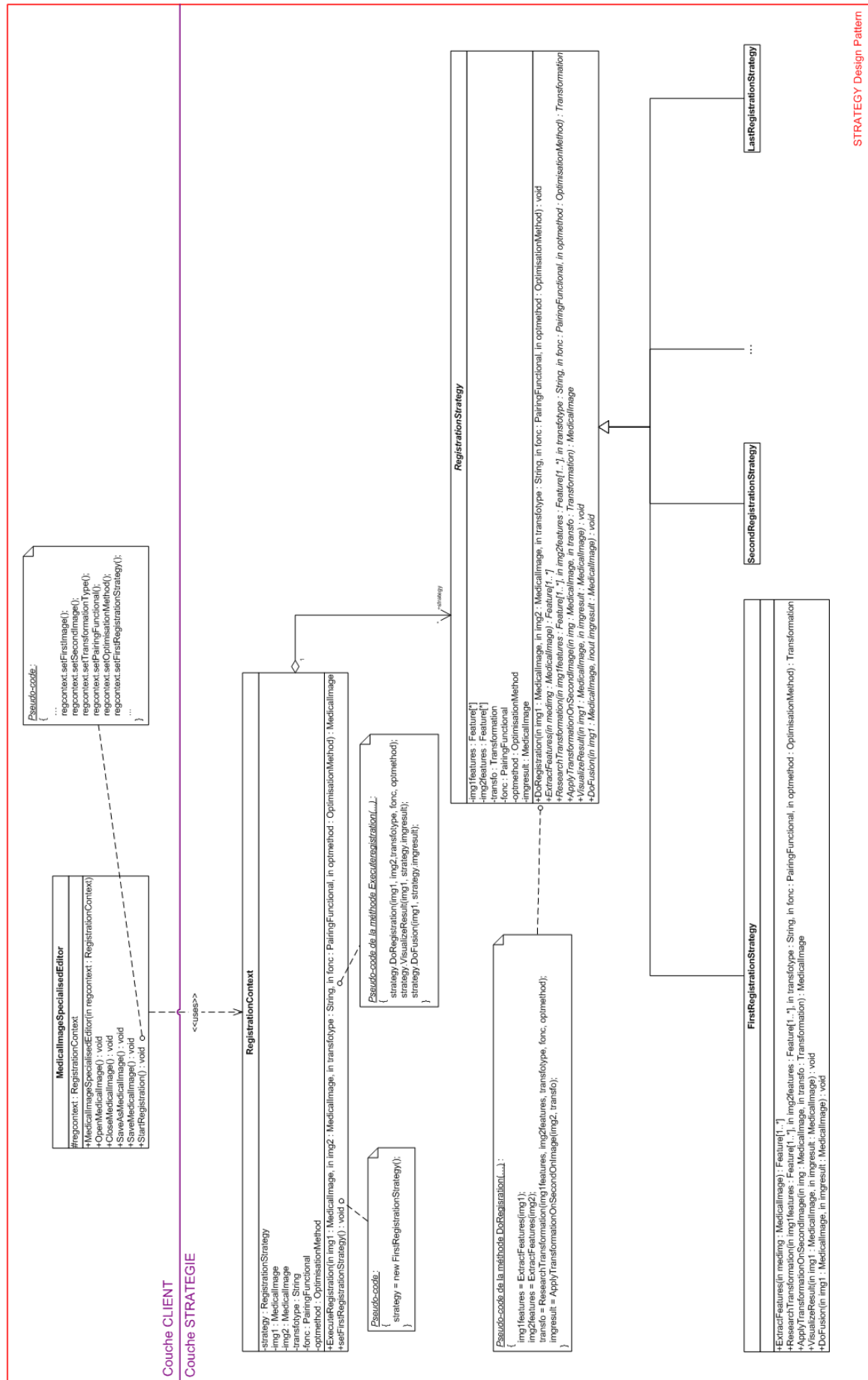


Figure 4.12 - Schéma du Design Pattern Stratégie nous permettant de modéliser conceptuellement différentes stratégies de coregistration.

Conclusion

Nous allons conclure ce travail en apportant plusieurs remarques sur le problème de la coregistration décrit et développé tout au long de ce manuscrit. Tout d'abord, après avoir fait le tour du problème et s'être fait une idée plus conforme de ce que cela implique notamment en termes de modalités d'acquisition, de résolution, de visualisation, d'analyse et de ressources mémoire et calculatoires, on se rend compte des raisons de la multitude des techniques procédurales de recalage existant déjà aujourd'hui ou en cours de développement. Ces dernières varient des méthodes purement prospectives où un effort est consenti dès l'acquisition pour positionner correctement le patient en vue de réaliser différentes images multimodales (et dans cette éventualité, on pourrait imaginer une machine d'acquisition produisant plusieurs types d'images (IRM, TEMP, etc.)), à celles les plus rétrospectives où aucune précaution n'a été prise lors de l'acquisition, ce qui oblige à recourir à de multiples traitements mathématiques sur chaque image avant même de les réaligner. Ces deux cas constituent évidemment les deux situations extrêmes de la coregistration.

Ensuite, on peut distinguer, parmi tout cet ensemble, les méthodes de recalage selon les caractéristiques utilisées ainsi que différencier les extrinsèques des intrinsèques. La tendance demeure désormais de privilégier le développement de solutions pour cette seconde catégorie car d'une part, les méthodes extrinsèques sont assez contraignantes en général pour le patient mais d'autre part, elles présentent l'inconvénient majeur de ne pas permettre le recalage rétrospectif des images. Les méthodes intrinsèques, au contraire, l'autorisent... Mais tout cela a un coût !

Ces dernières se subdivisent en deux classes. Une première, les méthodes iconiques, se basant uniquement sur les données brutes de valeurs de niveaux de gris ou de couleurs des pixels... et n'impliquant pas d'extraction ou de reconnaissance de formes ou d'objets plus évolués. Dans ce cas, on peut chercher à apparier directement, soit tous les points, soit seulement quelques-uns, répartis par exemple de manière uniforme dans l'image. Quasiment tombées en désuétude, éclipsées notamment par la rapidité et la robustesse des techniques de recalage de surfaces, elles ont depuis bénéficié d'un très net regain d'intérêt, essentiellement grâce à l'augmentation croissante de la puissance des ordinateurs "dernier cri".

Dans la seconde, par contre, les méthodes de recalage, qui font l'hypothèse que des structures identiques sont présentes dans les deux images, nécessitent des étapes de présegmentation et d'identification de ces structures. Elles utilisent donc des niveaux de caractéristiques géométriques, soit de basse complexité (comme des points critiques, des contours, ou des régions d'intérêt), soit encore beaucoup plus élaborés (squelettes morphologiques, objets identifiés, etc.) afin de répondre notamment à des exigences de coregistration multimodale, interpatients ou/et élastiques. On s'aperçoit alors que la tendance actuelle est de privilégier le niveau inférieur des caractéristiques, plus proche des pixels. Les raisons en sont simples : d'un côté, les caractéristiques de haut niveau sont difficilement extraits et peu généralisables d'une image à une autre; ce qui implique qu'elles doivent par conséquent être redéfinies à chaque fois. D'un autre côté, les caractéristiques iconiques se révèlent parfois trop sensible au bruit et aux changements d'intensité lors du passage d'une modalité à l'autre. La meilleure solution relève donc bien du niveau intermédiaire, des caractéristiques de bas niveau, où l'on traite une information beaucoup plus maniable mais tronquée.

Finalement, nous avons introduit le problème de la coregistration sous une vision novatrice - une démarche orientée objets - dont l'intérêt principal réside à produire un modèle le plus générique et global possible du recalage. Nous avons proposé une première ébauche de conception en quatre couches, comprenant déjà un certain niveau d'abstraction : les Design Patterns. Leur avantage essentiel est de permettre une meilleure compréhension globale du modèle. Leur inconvénient correspondant est qu'ils impliquent quelques redondances qu'il sera nécessaire de supprimer ou d'adapter lors de l'implémentation.

Des futurs développements poursuivant ce travail pourraient consister d'une part, à continuer à étudier les méthodes de coregistration rigides ou élastiques les plus prometteuses, et d'autre part, à

poursuivre et voir comment implémenter notre modélisation orientée objets de la coregistration ainsi qu'à l'intégrer ou la fusionner avec un package procédural de coregistration existant comme *AIR*.¹

¹ *Automated Image Registration*.

Annexe 1

Les PACS

L'imagerie numérisée peut s'intégrer dans le développement des **systèmes d'information hospitaliers par l'entremise de systèmes informatiques permettant le traitement, la visualisation, l'archivage, la distribution et la transmission de toutes les images médicales produites par une institution**. De tels systèmes, les **PACS**¹, se caractérisent par les points suivants :

- Ils assurent la **conservation d'images digitales** issues de différentes modalités d'obtention **sans risque de perte ou de détérioration de leur contenu**, ainsi que leur **traitement local au niveau des centres producteurs et utilisateurs de ces images**;
- Ils autorisent un **accès rapide, facile et simultané à toutes les images sur plusieurs stations de travail situées à différents endroits d'un même hôpital pour chaque personne habilitée**²;
- D'un point de vue économique, ils doivent conduire à des **économies sur les coûts de personnels, de matériels et de maintenance**.

Les volumes d'information considérables représentés par toutes ces images numérisées nécessitent la **mise en place de serveurs d'images adaptés**. Ainsi, les **images sont stockées sur disques optiques au niveau de serveurs d'archives** et une distribution de ces images est effectuée de façon préprogrammée à d'autres serveurs dédiés plutôt à l'affichage et reliés aux stations de travail. L'**architecture générale d'un PACS** peut donc schématiquement se scinder en **deux ensembles**, d'un côté les **serveurs pouvant être de deux types** (serveurs d'archives ou d'affichage), et de l'autre les **stations de visualisation**.

- a) Un **serveur d'archives** est une unité constituée d'un **ordinateur** (le serveur proprement dit) **connecté à un juke-box**, c-à-d à une **unité de multiples disques optiques numériques**, dont le rôle consiste à stocker plus particulièrement les images les plus anciennes. Le serveur est relié à différentes sources d'acquisition des images soit par l'intermédiaire d'un réseau local ou directement au travers d'interfaces de transmission de données à grande vitesse.
- b) Un **serveur d'affichage** a une **configuration semblable à celle du serveur d'archives** sauf qu'il n'est **pas relié à un système de stockage à disques optiques mais plutôt à des disques magnétiques réinscriptibles de grande capacité pour un stockage d'une durée limitée se bornant bien souvent aux images les plus récentes**. Sa fonction est très différente de celle du serveur d'archives. Il sert principalement de point de distribution des images à différentes stations de travail et de visualisation des images. Un serveur d'affichage n'est pas directement raccordé à des sources d'acquisition d'images, mais il obtient les images qui lui sont destinées à partir d'un ou plusieurs serveurs d'archives.
- c) Les **stations de visualisation**, quant à elles, se divisent en deux catégories : **celles de traitement et d'interprétation**, dotées de processeurs de traitement spécialisés et d'écrans de haute résolution souvent multiples pour la visualisation simultanée de séquences d'images, et celles de visualisation au niveau des unités de soins, disposant de capacités de traitement moindres.

¹ Diminutif de "*Picture Archiving and Communication Systems*".

² Ainsi, la télétransmission des images numérisées à l'intérieur d'une structure hospitalière permet une consultation rapide de plusieurs experts pour une décision thérapeutique ainsi qu'une meilleure prise en charge du patient.

La gestion globale de toutes les données du *PACS* est effectuée séparément sur une banque de données maintenant une liste de tous les examens et images ainsi que leur(s) localisation(s) sur les divers disques des différents serveurs.

En exploitation clinique, une telle architecture ne peut évidemment s'envisager que si l'on dispose de réseaux de communication rapides entre ces différents serveurs. Un autre difficulté rencontrée lors du développement d'un tel système d'archivage et de communication d'images est celui de la **multitude de formats différents utilisés par les constructeurs pour le stockage numérique de ces images**. Il convient donc dans le futur de se décider et de définir un **format unique le plus "standard" possible...** ou d'en choisir un existant déjà, quitte à l'améliorer. Le format *DICOM*³ proposé par l'*ACR*⁴ et la *NEMA*⁵ nous **paraît être le plus approprié** pour répondre à ce problème.

³ Décrit ci-dessous dans une autre annexe.

⁴ Diminutif de "American College of Radiology".

⁵ Acronyme de "National Electrical Manufacturers Association".

Annexe 2

Les principales modalités d'images médicales numériques

Dans cette annexe, nous poursuivons la présentation du premier chapitre sur les principales modalités d'images médicales contemporaines puisque nous nous sommes contentés d'exposer le cas de la tomodensitométrie. Ainsi, ci-dessous, nous décrivons **tour à tour la résonance magnétique, la médecine nucléaire et enfin l'échographie tant traditionnelle que Doppler.**

2.1 La Résonance Magnétique (IRM)

L'Imagerie par Résonance Magnétique (ou IRM¹) est une **technique de diagnostic non invasive** qui fournit, sans aucune utilisation de rayons ionisants^{2et3}, des images tridimensionnelles en coupes de diverses épaisseurs et de grande précision anatomique de l'intérieur de l'organisme. Ces **images en coupes** peuvent être **obtenues, au contraire du scanner X, dans différents plans de l'espace⁴ sans modifier la position du patient et sans faire appel à des artifices de reconstructions.**

L'IRM est en fait une **application du phénomène physique de résonance magnétique nucléaire⁵** décrit pour la première fois en 1946⁶, et étudié notamment par Edward PURCELL et Felix BLOCH⁷. En 1950, les principes physiques fondamentaux de la résonance magnétique étaient déjà bien compris. Pourtant, il restait encore trois conditions à remplir : disposer d'un ordinateur suffisamment rapide et puissant, réaliser un aimant stable à taille humaine associé à des appareils radio et enfin, imaginer une utilisation médicale de ces techniques. LAUTERBUR, DAMADIAN et MANSFIELD ont démontré la faisabilité de cette idée et les premières images réalisées grâce à cette technique furent publiées au début des années 1970.

Pourtant, malgré cette possible "utilisabilité" dès 1973, son apparition en milieu hospitalier n'est qu'assez récente : les premiers appareils n'ont été installés qu'au début des années 1980. Mais elle s'est considérablement répandue voilà cinq à dix ans car ses applications médicales se sont considérablement développées depuis jusqu'à aujourd'hui dans les laboratoires et les centres médicaux du monde entier.

Principes de la résonance magnétique

Pour comprendre comment fonctionne l'IRM, il convient de se remémorer quelques principes de base de la physique. On sait que tout atome dispose d'une part, d'un noyau constitué de protons chargés positivement et de neutrons électriquement neutres, et d'autre part, d'électrons mobiles chargés négativement évoluant autour de ce noyau.

Certains noyaux atomiques, celui de l'hydrogène par exemple, possèdent un moment magnétique angulaire (ou *spin*) non nul résultant de leur rotation sur eux-mêmes, autour de leur axe,

¹ En Anglais, **MRI**, c-à-d "**Magnetic Resonance Imaging**".

² Les risques pour le patient sont dès lors très minimes. D'ailleurs, personne n'a pu démontrer à ce jour le moindre effet nocif sur l'organisme dans des conditions d'examen normales.

³ Nous verrons plus tard qu'elle utilise en réalité certaines propriétés de la matière.

⁴ *L'examen IRM permet de réaliser des coupes dans toutes les directions de l'espace, et notamment bien sûr dans les trois plans coronal, sagittal et transversal.*

⁵ Également connue sous le nom de *RMN*, son acronyme.

⁶ Remarquons tout de même que c'est entre 1930 et 1940 que furent conduites les premières recherches fondamentales la concernant sur les interactions entre le noyau de l'atome et les champs magnétiques.

⁷ Ils reçurent pour leurs travaux le prix NOBEL en 1952.

tout comme la terre. On parle alors de **dipôles magnétiques**⁸. La résonance magnétique nucléaire repose précisément sur les propriétés magnétiques de tels noyaux atomiques se comportant comme de petits aimants et répondant assez bien à l'application d'un champ magnétique en absorbant ou en émettant un rayonnement électromagnétique. Des atomes comme l'hydrogène H, le sodium Na²³, ou le phosphore P³¹ jouissent de telles propriétés mais c'est le plus souvent le proton, noyau d'hydrogène très abondant dans le corps humain, qui est utilisé vu que ce dernier se compose essentiellement d'eau⁹ (H₂O).

Pour simplifier, l'examen IRM consiste d'une part à soumettre les protons de l'eau du corps humain à un champ magnétique très intense¹⁰ et d'autre part à les stimuler (on dit *exciter*) par une impulsion de radiofréquences¹¹ de basse énergie (comparables aux ondes radio ou TV). Lors de cette "excitation", les protons accumulent de l'énergie qu'ils restituent à l'arrêt de la stimulation sous forme d'un signal électrique dont l'intensité et la durée dépendent des caractéristiques biologiques des tissus traversés, de leur emplacement, de leur concentration en protons et du champ magnétique. Ce signal électrique recueilli par des antennes réceptrices spécialement conçues, pendant le retour à la position d'équilibre des protons, période dite de relaxation, contribue ensuite à générer les images.



Figure A2.1 - Photos de machines IRM : L'appareil conventionnel se constitue d'un aimant cylindrique creux de grande taille, très puissant, en forme de tunnel ouvert aux 2 extrémités, et à l'intérieur duquel, d'une façon analogue au scanner, on fait entrer le patient, placé sur une couchette mobile. Les machines modernes, quant à elles, comportent des aimants plus courts (Cf. photo 2), où le sentiment éventuel de claustrophobie y est en général moins ressenti. ([Web 2] et [Web 6]).

Plus précisément, la personne à examiner s'allonge sur une table étroite et plate. Après son introduction dans la machine, dans un premier temps, l'appareil IRM soumet le corps à un champ magnétique externe¹² important qui aligne les spins de tous les protons¹³ dans sa direction, cas le plus plausible, ou le sens antiparallèle, moins probable¹⁴. Ensuite, un second champ magnétique, dû à une impulsion d'ondes électromagnétiques et oscillant à une certaine radiofréquence¹⁵, perturbe l'équilibre durant une courte durée¹⁶ et déclenche une bascule des axes de rotation des protons; ce qui modifie bien évidemment leur orientation. Ces derniers se comportent alors comme des petites boussoles. Enfin, lorsque l'impulsion d'ondes radiofréquence cesse brutalement, les protons aimantés ont vite tendance à reprendre leur orientation initiale tout en émettant à leur tour des ondes électromagnétiques, dites de "résonance", qui vont restituer l'énergie excédentaire acquise durant l'excitation. Le système perturbé

⁸ Ces noyaux, ayant chacun un champ magnétique propre avec des pôles nord et sud, sont assimilés à de petits aimants.

⁹ Près de 80 %.

¹⁰ Pour en donner un ordre d'idée, environ 30000 fois plus fort que celui du globe terrestre.

¹¹ Remarquons que la fréquence porteuse de ces impulsions est la fréquence de Larmor des protons, dans le but de provoquer une interaction efficace entre impulsions de radiofréquence et protons.

¹² Dans un espace clos pour être à l'abri des parasites électromagnétiques externes.

¹³ Au départ, dans un corps au repos, ces protons possèdent une aimantation élémentaire (spin non nul) aléatoire; il n'y a pas de tendance générale. Par conséquent, le moment magnétique total est nul car ils sont orientés dans tous les sens.

¹⁴ Attention, ces deux configurations ne sont pas nécessairement équiprobables.

¹⁵ Remarquons que l'impulsion d'onde radiofréquence est d'une totale innocuité, parfaitement indolore et que le patient ne ressent absolument rien.

¹⁶ A peine quelques millisecondes.

revient donc à son état initial "stable" tout en émettant un signal pendant la période de relaxation.

L'analyse informatique du signal par un puissant ordinateur permet de construire une véritable carte énergétique de la partie du corps étudiée. Suivant les divergences de contenu et de distribution en eau des tissus sondés, leurs vascularisations et leurs pathologies éventuelles, l'ordinateur réalise des images en niveaux de gris d'une très grande sensibilité. Il est **ainsi possible de réaliser des coupes dans tous les plans de l'espace¹⁷ en utilisant des méthodes similaires à celles mises au point pour le scanner, et ce de pratiquement n'importe quelle partie du corps humain... comme si l'on effectuait une étude à ciel ouvert sans bien entendu toucher le malade !** L'imagerie par résonance magnétique permet donc de caractériser les tissus selon la densité de protons et le temps de retour à l'état initial; la vitesse de déplacement des protons, la température du tissu, la structure chimique moléculaire, les flux sanguins ou capillaires intervenant, entre autres, dans les valeurs mesurées.

Les appareils IRM affichent régulièrement des signaux indésirables qui portent le nom d'*artefacts*. Les artefacts sont causés par des sources extérieures comme des interférences ou comme la respiration et les battements de cœur du patient¹⁸. Les artefacts revêtent différentes formes et les médecins doivent faire preuve de prudence lorsqu'il s'agit de distinguer les artefacts des tissus réels.

Caractéristiques et applications médicales

La résonance magnétique nucléaire, qui génère plutôt des **images de type anatomique¹⁹**, a pris une importance considérable dans l'ensemble des modalités d'imagerie diagnostique : surtout utilisée au départ en neuroradiologie²⁰, elle s'avère désormais particulièrement primordiale pour la détection de petites tumeurs²¹, pour le diagnostic de pathologies cérébrales, abdominales²², ostéo-articulaires²³, et cardiovasculaires ainsi que pour les pelvimétries (avant les accouchements)²⁴. L'usage de l'IRM ne s'est donc pas cantonné à l'examen de lésions cérébrales; il s'est étendu à l'examen du reste du corps humain. Toutefois, les résultats recueillis sont plus satisfaisants dans le cas du cerveau, de la moelle épinière, des os et des articulations, car ce sont des régions que l'on peut qualifier de rigides.

L'inconvénient majeur de cette technique réside dans le fait que, pour assurer une bonne qualité d'image, le **patient doit respecter une stricte immobilité pendant toute la durée de l'examen²⁵**. Tout état ou circonstance ne permettant pas cette immobilité (anxiété, tremblement, etc.²⁶) peut amener à différer l'examen et à solliciter un traitement préalable. En outre, du fait du puissant champ magnétique capable de déplacer les objets dits ferromagnétiques, il existe **certaines contre-indications comme les valves cardiaques artificielles métalliques, les stimulateurs cardiaques, ou encore certaines prothèses en métal**. Il va de soi que tous les objets métalliques ou magnétiques comme des clefs ou des pièces de monnaie doivent être déposés à l'extérieur de la salle d'examen. Cette dernière est par ailleurs isolée²⁷ par une protection spécifique qui la met à l'abri des perturbations ou pollutions magnétiques extérieures²⁸.

Remarquons aussi que les coupes tomographiques de n'importe quel organe, sont générées dans

¹⁷ Contrairement au scanner qui ne donne que des coupes transverses.

¹⁸ Il est donc essentiel de rester le plus parfaitement immobile car le moindre mouvement va "artéfacter" les images, et prodiguer une image de mauvaise qualité non interprétable.

¹⁹ Nous verrons plus loin dans ce chapitre ce que nous entendons par là.

²⁰ C'est un procédé de tout premier choix pour l'examen de lésions cérébrales et pour l'étude de la plupart des maladies chroniques du système nerveux central (moelle épinière, etc.)... bien supérieur au scanner par sa précision en ce qui concerne la différenciation des tissus.

²¹ Surtout cérébrales.

²² L'IRM fournira beaucoup de détails au niveau du foie, de la rate, du pancréas, et des reins.

²³ Elle est largement utilisée pour le diagnostic des traumatismes de la colonne ou ceux liés au sport, notamment au niveau du genou, des épaules, des hanches, du coude et des poignets.

²⁴ Au niveau du pelvis, les organes génito-urinaires masculins et féminins sont ainsi imaged de façon optimale.

²⁵ Cet examen varie ordinairement d'une quinzaine de minutes à une petite heure.

²⁶ Le fait d'être enfermé dans un tunnel est parfois difficile à supporter pour certaines personnes, en particulier les claustrophobes.

²⁷ On dit *blindée*.

²⁸ C'est en fait le principe de la *cage de Faraday*.

des délais relativement courts et se caractérisent par **une haute résolution spatiale**²⁹ et par **d'excellents contrastes entre tissus de différents types**. Ces contrastes sont de nature intrinsèque; ce qui explique que la résonance magnétique ne nécessite généralement pas le besoin de produits de contraste. Ils peuvent en effet être modulés en variant le timing du train d'impulsions radiofréquences appliqué. Habituellement, on s'arrange pour mettre en exergue l'effet de l'un ou l'autre des phénomènes gouvernant la relaxation des protons : **l'effet T1 ou relaxation "longitudinale"** et **l'effet T2 ou relaxation "transversale"**. De ce fait, les images sont soit *pondérées T1*, et dans ce cas, différencient parfaitement la matière blanche, la matière grise et dans une moindre mesure le liquide céphalo-rachidien, soit *pondérées T2* pour isoler les tissus pathologiques des tissus sains. Pourtant, malheureusement, le signal obtenu en résonance magnétique peut manquer de spécificité : il arrive alors qu'on ne parvienne pas à discriminer deux structures. Des agents de contraste que l'on injecte généralement par voie veineuse ont été développés pour nous aider à résoudre ce problème. Ainsi, le Gadolinium, ion paramagnétique non toxique, agit sur les caractéristiques de relaxation des protons de l'eau dans le milieu environnant et génère une variation du signal, non liée linéairement à la dose injectée.

Variantes de l'IRM

Tout d'abord, nous disposons de la MRA³⁰, spécialisée tout comme la DSA dans l'étude de l'imagerie des vaisseaux sanguins. Malgré une résolution moins bonne que la DSA, elle présente un avantage sur cette dernière car elle génère des images 3D. Cette singularité offre de nouvelles perspectives pour la planification d'opérations chirurgicales en alertant préventivement le médecin de l'existence de vaisseaux sanguins et d'ainsi anticiper tout risque durant la dite opération de perforations accidentelles de tels vaisseaux.

D'autre part, nous avons aussi l'imagerie par résonance magnétique fonctionnelle (IRMf). Alors que l'IRM conventionnelle génère des images plutôt morphologiques du cerveau (thalamus, amygdales, etc.), l'IRMf favorise l'étude de ses fonctions spécifiques (goût, odorat, lecture, écoute, etc.) en localisant ses régions intervenant dans l'exécution de ces différentes tâches.

Comparaison IRM / Scanner

Finalement, si on réalise un petit comparatif entre l'IRM et le Scanner X, on en conclut que l'IRM procure trois avantages notables :

- Primo, l'utilisation de champs magnétiques et non de rayons X n'entraîne **aucune radiation**.
- Secundo, il est **possible de réaliser des coupes dans tous les plans de l'espace** (notamment dans les plans coronal, sagittal et transversal) et non plus seulement des coupes transversales comme avec le scanner.
- Et tertio, l'IRM, de part sa **meilleure résolution en contraste** et son **habileté à explorer à la fois les parties molles et les structures ostéo-articulaires**³¹, permet de déceler de façon plus fine et plus précoce de petites lésions parfois non manifestes en radiographie standard.

²⁹ De l'ordre du millimètre sur les machines les plus performantes.

³⁰ Acronyme de *Magnetic Resonance Angiography*.

³¹ Aucune autre méthode ne peut actuellement mieux distinguer la substance blanche et la substance grise.

2.2 Scintigraphie

La *Scintigraphie* appelée également *Médecine Nucléaire*, *Gammagraphie*, ou encore *Tomographie d'émission* désigne spécifiquement les **techniques** d'acquisition d'images médicales basées sur le **marquage isotopique** et la **détection de photons gamma**, qu'ils soient émis **directement par un noyau** ou qu'ils soient créés suite à l'annihilation d'un électron avec un **positon**. En général, l'image scintigraphique résultante a une **résolution spatiale médiocre**, mais apporte, contrairement aux modalités déjà rencontrées, de **précieux renseignements fonctionnels**.

Qu'est-ce que le marquage isotopique ?

On sait que **chaque isotope d'un élément possède les mêmes propriétés chimiques** : il est donc **possible d'utiliser des isotopes radioactifs** (ou radio-isotopes³²) **pour marquer des molécules d'intérêt biologique sans changer leurs propriétés pharmacologiques, afin de suivre in vivo leur devenir dans l'organisme**³³, et donc de visualiser des organes ainsi que d'en étudier le fonctionnement selon leur répartition et l'évolution de leur concentration.

Les radio-isotopes employés

Tous les radioéléments ne sont pas utilisables chez l'homme. Ceux employés en médecine nucléaire sont très souvent produits artificiellement par bombardement de particules dans des réacteurs nucléaires ou dans des accélérateurs de particules. Ils émettent généralement un rayonnement suffisant de photons gamma³⁴ qui doit rapidement décroître pour ne pas délivrer une dose trop élevée de radioactivité³⁵. Les photons gamma produits peuvent traverser d'importantes épaisseurs de matière; ce qui permet bien sûr, une fois émis à l'intérieur d'un organisme, leur détection par un dispositif externe. Les plus usés de ces émetteurs gamma sont le technétium Tc^{99} , le thallium Tl^{201} , le xénon Xe^{133} , l'iode I^{131} , et l'indium In^{111} .

La **demi-vie** (ou période) physique P_p d'un radio-isotope est le temps au bout duquel la moitié d'un nombre quelconque des atomes de cet isotope s'est désintégrée. Cette période est constante et caractéristique pour chaque radio-isotope, et peut varier selon sa nature atomique de 10^{-7} secondes à 10^{18} années. Les périodes des substances utilisées ici en Médecine Nucléaire sont bien évidemment de l'ordre de l'heure, de la journée ou, au grand maximum, de la semaine. Il est très important, lors de l'utilisation d'un isotope chez l'être humain, de prendre également en compte sa demi-vie biologique P_b , représentant le temps au bout duquel la moitié d'une quantité quelconque de cet isotope a été éliminée, évacuée de l'organisme. La demi-vie (ou période) effective P_e , définie comme le temps au bout duquel la moitié d'une quantité initiale quelconque a disparu de l'organisme d'une façon ou d'une autre, est alors donnée par la relation :
$$\frac{1}{P_e} = \frac{1}{P_p} + \frac{1}{P_b}.$$

Le technétium mérite une attention particulière; il est de loin le traceur le plus utilisé de nos jours dans une grande majorité d'examens scintigraphiques, car il présente plusieurs avantages :

- Les photons gamma qu'il émet ont une énergie optimale pour un maximum de sensibilité des systèmes usuels de détection.
- Sa demi-vie physique est de six heures : elle est par conséquent assez brève pour limiter l'irradiation du sujet, et assez longue pour que la décroissance soit négligeable lors des acquisitions durant quelques minutes.
- Cet élément est facilement disponible en routine.
- Il peut être associé à de nombreuses molécules ayant un intérêt biologique.

³² On les nomme aussi **radioéléments**.

³³ A l'intérieur d'un patient, ces molécules se comportent comme toute autre molécule du même type, à part qu'elles émettent un rayonnement qui peut être détecté avec des instruments spéciaux.

³⁴ On verra plus tard que les photons peuvent aussi être du type *beta +*.

³⁵ Comme cela, les dégâts dans les tissus sont négligeables.

- Il est relativement peu coûteux par rapport à d'autres isotopes.

Utilisation des radio-isotopes

Le **radio-isotope** est appelé le *marqueur* tandis que la **molécule à laquelle il est éventuellement associé**, le *vecteur*. L'ensemble forme le **traceur radioactif**, ou ce qu'on appelle le *radiopharmaceutique*³⁶, et se comporte comme un **micro-émetteur de rayons gamma ou beta plus**, détectables à l'aide de dispositifs, tels que les *caméras à scintillation* appelées aussi *gammacaméras*³⁷. Le traceur est administré le plus souvent par voie intraveineuse mais il l'est aussi quelque fois par inhalation ou par voie orale. Il en existe des dizaines avec des propriétés physico-chimiques et biologiques spécifiques : le choix du radiopharmaceutique est effectué en fonction de l'organe à explorer et de la pathologie³⁸.

Principe de fonctionnement

En résumé, **après injection dans l'organisme du traceur radioactif, les gammacaméras décèlent hors du corps les photons émis. L'ordinateur couplé à ces détecteurs détermine alors le nombre, l'énergie, et la direction incidente de ces photons.** A partir de ces trois informations, il est possible de constituer les images de la distribution de la radioactivité dans l'organisme³⁹, et à terme, d'obtenir une image de l'organe cible sur lequel le traceur s'est fixé de façon préférentielle. Le médecin nucléariste peut alors réaliser une interprétation qualitative des images par analyse visuelle de la zone d'intérêt⁴⁰.

Technique de détection des photons

La technique de **détection des photons repose sur deux phénomènes physiques bien connus des scientifiques : l'effet photoélectrique et l'effet Compton.** L'effet photoélectrique, phénomène essentiel en Médecine Nucléaire, se décrit promptement. Un photon gamma percute un électron d'une orbitale interne d'un atome. Ce faisant, comme il possède une énergie supérieure à celle de liaison de l'électron considéré, il est complètement absorbé. L'électron est alors expulsé⁴¹ et un autre d'une orbitale supérieure (donc plus énergétique) vient prendre sa place. Ce saut s'accompagne de l'émission d'un autre photon, dit *photon de fluorescence*. L'effet Compton, quant à lui, se traduit exclusivement par la déviation, par un électron de l'orbitale extérieure d'un atome, de la trajectoire initiale du photon gamma, qui perd ainsi une partie de son énergie. Alors que cet effet Compton s'avère indésirable⁴², l'effet photoélectrique, quant à lui, est à la base de la détection dans les gammacaméras actuelles. Il existe différents types de gammacaméras en Scintigraphie. Actuellement, le système le plus répandu est formé de l'association d'un cristal et d'un photomultiplicateur (PM). Dans le cas idéal, lorsqu'un photon gamma interagit avec le cristal, il lui cède son énergie par effet photoélectrique. Le photoélectron éjecté a une énergie suffisante pour provoquer à son tour l'expulsion de nombreux autres électrons dans le cristal. Un photon de fluorescence est émis pour chaque photoélectron expulsé; on obtient ainsi une *gerbe de photons* : c'est la *scintillation*.

Les gammacaméras modernes disposent de deux, voire trois têtes de détection. Chacune d'elle se compose d'un collimateur, d'un cristal et de plusieurs photomultiplicateurs. Le collimateur est une plaque de plomb percée de trous stoppant la quasi-totalité des photons gamma qui la frappent. Comme les photons sont émis dans toutes les directions, sans collimateur, une source les envoie sur l'ensemble du détecteur et l'image est totalement floue. Avec un collimateur, seuls les photons émis dans l'axe des trous le traversent et parviennent au cristal dans lequel vont se produire les scintillations décrites auparavant. Les autres sont absorbés par le plomb. L'image correspond alors à la projection de l'objet sur le plan du détecteur.

³⁶ On dit aussi *radiotraceur*.

³⁷ Caméras à rayons gamma couplées à un ordinateur.

³⁸ Par exemple, on réalise des images de la thyroïde en injectant de l'iode pour lequel cette glande a une grande affinité.

³⁹ Remarque : seuls les photons de même énergie sont considérés pour former une image.

⁴⁰ Aspect homogène ou hétérogène, texture lisse ou granuleuse, fixation intense ou faible, symétrique ou asymétrique.

⁴¹ On le nomme alors *photo-électron*.

⁴² On ne sait absolument pas retrouver l'origine du photon gamma une fois dévié.

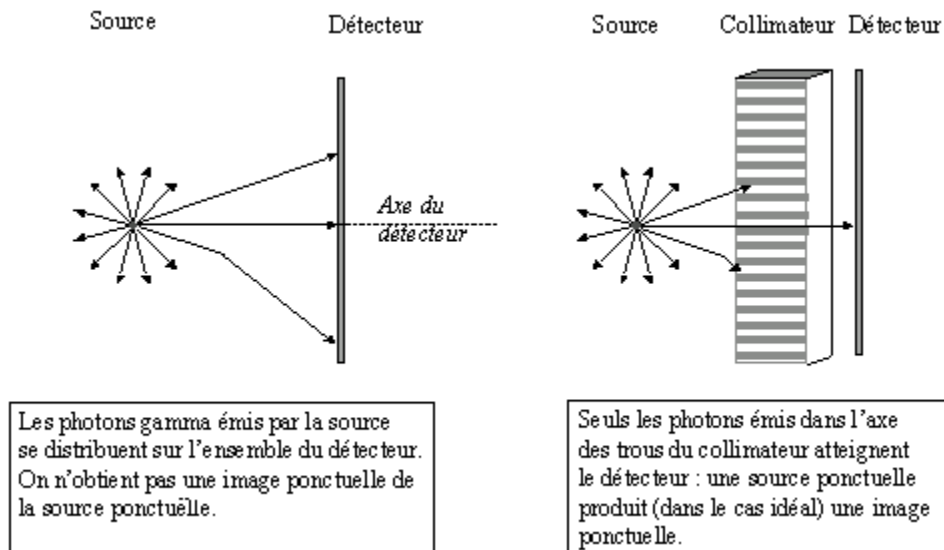


Figure A2.2 - Nécessité de l'utilisation du collimateur en plomb : il permet de sélectionner les photons venant dans la direction parallèle à l'axe de ses trous ([Web23]).

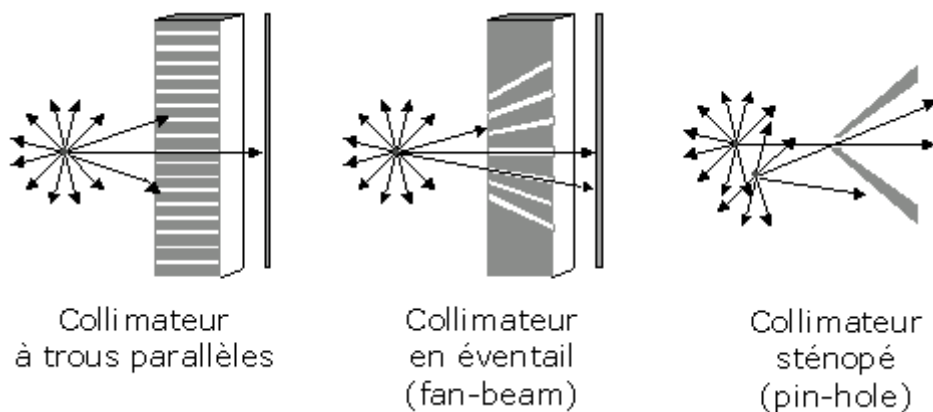


Figure A2.3 - Il existe d'autres types de collimateurs : en éventail ("fan-beam"), sténopé ("pin-hole") ou à ouverture codée. Ils sont choisis en fonction de l'organe à explorer, mais dans tous les cas, le rôle reste le même : sélectionner les photons selon leur direction de propagation ([Web23]).

La **collimation**, indispensable à l'obtention d'une image, offre de plus un intérêt considérable : elle **permet de connaître la direction de laquelle viennent les photons - à savoir l'axe parallèle à l'axe des trous - passant par le point de scintillation sur le détecteur**. Cette information, primordiale au moment de la reconstruction en trois dimensions permet de déterminer, en plus de la position du point d'impact sur le détecteur, la distance de la source au détecteur. L'inconvénient majeur du collimateur est qu'il ne laisse passer qu'une faible partie des photons (1 sur 10000 environ) car la majorité disparaît dans le plomb. Le signal recueilli est donc faible, mais ceci est partiellement compensé par la haute sensibilité du cristal et par l'amplification du signal. C'est également le collimateur qui va, dans une large mesure déterminer la résolution de la gammacamera⁴³ en fonction du diamètre des trous, de l'épaisseur de plomb entre les trous et de sa géométrie. L'utilisation de plusieurs photomultiplicateurs rend la détection de la scintillation plus efficace, mais elle permet surtout d'acquérir simultanément les signaux en plusieurs points, et ainsi de constituer une image de l'organe d'intérêt en un temps réduit.

Applications

⁴³ I.e. sa capacité à distinguer deux objets proches.

Le grand nombre d'organes accessibles à l'examen scintigraphique et les multiples radiopharmaceutiques font qu'il existe des dizaines d'indications à la Médecine Nucléaire. A titre d'illustration, on mentionnera brièvement les accidents vasculaires cérébraux, les anévrismes, le diagnostic d'embolie pulmonaire, l'estimation de la vascularisation d'un greffon rénal, la visualisation de métastases osseuses ou de certaines cellules tumorales, ainsi que la recherche de sténose artérielle, d'une hémorragie digestive, de nodules thyroïdiens hyper ou hypoactifs, ou encore de foyers infectieux.

2.2.1 Les deux techniques scintigraphiques

Il subsiste à ce jour **deux techniques distinctes en tomographie d'émission**, la **TEMP** (Tomographie par Emission MonoPhotonique)⁴⁴ et la **TEP** (Tomographie par Emission de Positons), correspondant respectivement aux deux types de radioactivité actuellement employés : la radioactivité gamma (γ) et la radioactivité beta plus (β^+). **Dans le cas de la radioactivité γ , suite à la désintégration d'atomes instables du radiopharmaceutique, des photons gamma sont émis spontanément. Dans celui de la radioactivité β^+ , la désintégration de tels atomes provoque pour chacun l'émission d'un positon, particule équivalente en terme de masse à un électron mais de charge positive. Après un parcours moyen de quelques millimètres dans les tissus humains, ce positon, lorsqu'il entre en collision avec un électron avoisinant, peut interagir avec lui par une réaction d'annihilation matière/anti-matière. Ces deux particules disparaissent alors et donnent naissance à l'émission conjointe, dans des directions tout à fait opposées⁴⁵ l'une de l'autre, de deux photons gamma de même énergie qui seront détectés quasi simultanément.**

2.2.1.1 La technique TEMP

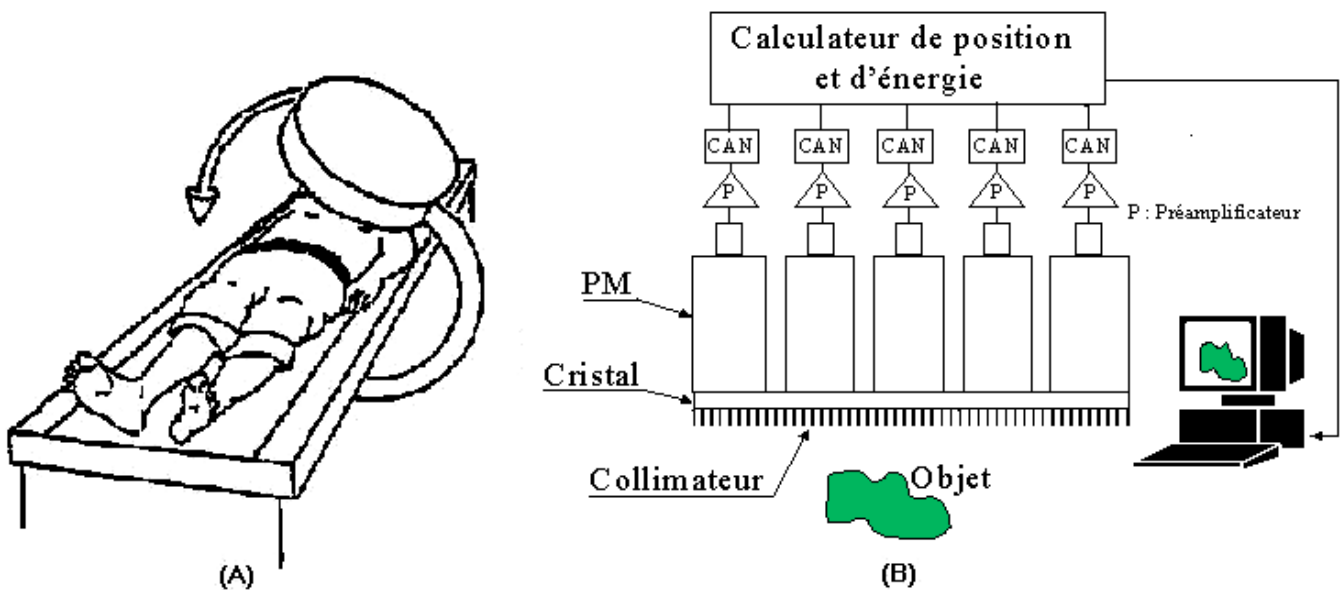


Figure A2.4 - Schéma de principe d'un système TEMP : la rotation autour du corps du patient d'un appareillage sophistiqué, se composant de caméras à scintillation et d'un collimateur à trous parallèles accolés solidement, permet de recueillir les données nécessaires à la reconstruction de la distribution de l'activité en 3 dimensions ([Ouv 1] et [Web23]).

La technique d'imagerie fonctionnelle TEMP, connue dans la littérature anglosaxonne sous le patronyme SPECT⁴⁶, et dont les principes ont été expliqués dans les paragraphes précédents, est en fait

⁴⁴ On la rencontre aussi sous l'acronyme **TESP** qui veut dire **Tomographie par Emission de Simples Photons**.

⁴⁵ C-à-d, dans l'absolu, à 180 degrés l'un de l'autre. Cela se justifie facilement lorsque l'on applique les principes de la physique. En effet, si l'on suppose que les vitesses de l'électron et du positon avant leur annihilation sont négligeables, la quantité de mouvement de ces deux particules est nulle. Le principe de conservation de la quantité de mouvement implique donc, pour que la quantité de mouvement de l'ensemble reste nulle, que les deux photons créés après l'annihilation soient émis dans la même direction, mais en sens contraires.

⁴⁶ Pour **Single Photon Emission Computed Tomography**.

celle qui est la plus couramment rencontrée dans les milieux hospitaliers... car elle est nettement moins onéreuse que la TEP.

2.2.1.2 La technique TEP

La technique TEP⁴⁷ adopte, exactement comme dans le cas de la TEMP, le principe de détection de photons gamma pour générer les images médicales. Cependant, contrairement à la TEMP, qui s'appuie sur la détection d'un unique photon, la TEP permet d'en détecter deux presque instantanément⁴⁸, d'où une visualisation plus précise et de meilleure qualité. Ces deux photons issus, comme nous l'avons déjà souligné, d'une réaction d'annihilation d'un positon avec un électron vont concourir ensuite à la reconstruction de la distribution des positions d'annihilation approximant la distribution spatiale du produit radiopharmaceutique et à la réalisation des images visualisables.

Technique de détection des photons

A la différence de la technique TEMP, il n'y a **pas besoin de collimateur de plomb pour trouver la direction d'où viennent les photons**, car on sait que **l'annihilation se situe sur la droite passant par les points d'impact de chaque photon sur la couronne de détecteurs**⁴⁹. On parle ainsi de "*collimation électronique*". L'absence de collimateurs améliore évidemment beaucoup la sensibilité globale du système⁵⁰.

Techniquement, la **détection des deux photons n'est validée que si les deux détections sont quasiment simultanées** (c'est à dire que la seconde survient moins de 10 à 20 ns⁵¹ après la première) : c'est la "*détection en coïncidence*". Cette contrainte est nécessaire car si on attend plus longtemps, il subsiste une importante probabilité que le deuxième photon détecté provienne en fait d'une autre annihilation. On parle alors de *coïncidence fortuite*. D'autre part, si un des photons est dévié, on parle de *coïncidence diffusée*. Dans ce cas, il y aura une erreur sur la direction réelle d'émission des photons. Les coïncidences fortuites et diffusées détériorent donc le contraste de l'image.

Un système TEP comprend plusieurs couronnes juxtaposées de dizaines de petits détecteurs⁵² à scintillation de quelques cm², ce qui permet de réaliser des acquisitions dans plusieurs plans parallèles simultanément. Jusqu'à récemment, seules les détections en coïncidence de paires de photons survenant dans le plan d'une couronne étaient considérées⁵³. Il est possible aujourd'hui de repérer les deux photons à l'aide de détecteurs appartenant à des couronnes différentes. On parle alors d'*acquisition en 3 dimensions (3D)*, ce qui augmente la sensibilité de l'instrument.

La localisation stricte du point d'émission du positon est théoriquement possible en mesurant l'intervalle de temps séparant l'arrivée des photons, et en connaissant la vitesse de propagation des photons : c'est la technique "*temps de vol*". Toutefois, elle comporte des incertitudes liées d'une part à la distance et à la direction inconnues du parcours du positon avant qu'il rencontre un électron, et d'autre part au fait que les photons ne sont pas systématiquement émis rigoureusement à 180° l'un de l'autre⁵⁴. Ceci conduit à une imprécision sur la position de l'ordre de 2 à 3 mm et confirme donc bien que la résolution est plus médiocre que les techniques non scintigraphiques.

⁴⁷ Dans la littérature anglosaxonne, l'acronyme est PET et représente l'expression "*Positron Emission Tomography*".

⁴⁸ Les constructeurs de machines TEP ont pour cette raison placé les détecteurs (avec chacun un petit cristal) non plus sur des plans mais sur des couronnes, au centre desquelles est placé le sujet.

⁴⁹ Notez que cette droite est appelée "*ligne de réponse*" dans le jargon médical.

⁵⁰ On peut néanmoins remarquer que, s'il n'y a pas de collimateur en TEP, il existe des parois de plomb entre les détecteurs, que l'on appelle des "*septa*", dont le but est de limiter l'angle solide d'ouverture des détecteurs.

⁵¹ Acronyme de *nanoseconde*, c-à-d un milliardième de seconde.

⁵² Ces détecteurs sont en fait des cristaux scintillateurs émettant une lumière visible lorsqu'ils sont excités.

⁵³ On parle d'*Acquisition 2D*.

⁵⁴ Ce que l'on appelle "*Phénomène de non-colinéarité*" (Cf. coïncidences diffusées).

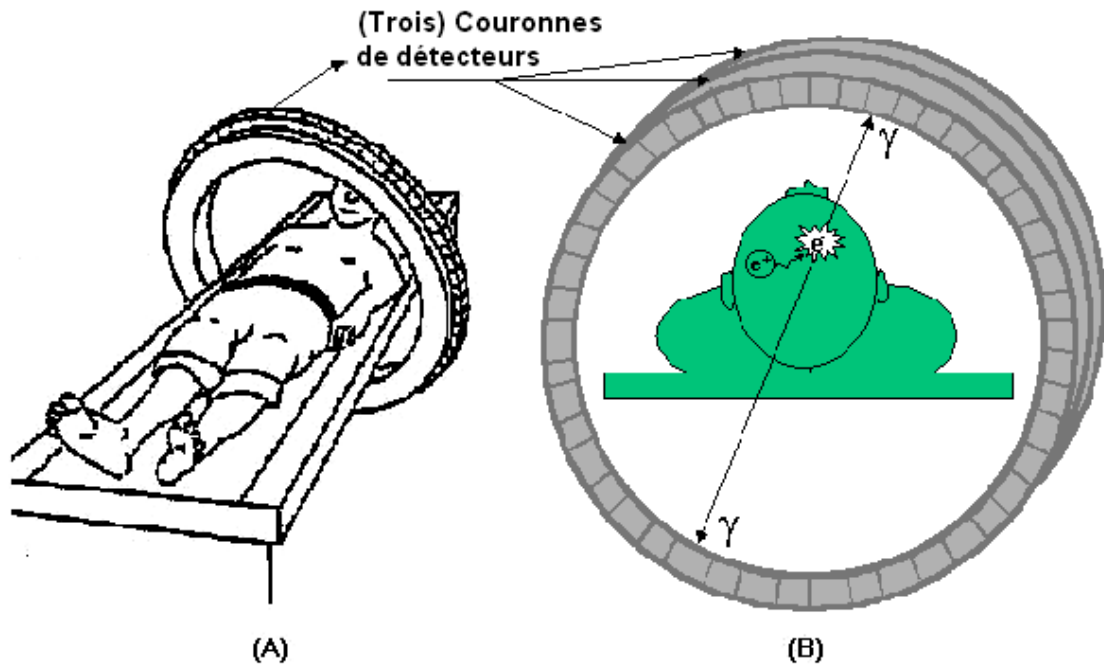


Figure A2.5 - Schéma de principe du système TEP : Pour acquérir une image, on utilise plusieurs anneaux de détecteurs ([Ouv 1] et [Web23]).

Les radio-isotopes utilisés

Tous les isotopes radioactifs dont nous avons parlé jusqu'ici sont émetteurs de photons gamma. Mais il existe aussi des émetteurs beta, c-à-d des émetteurs d'électrons (radioactivité β^-) ou de positons (radioactivité β^+). Ce sont ces derniers qui sont utilisés en TEP. Ils sont émis par des radio-isotopes comme le carbone C^{11} , l'azote N^{13} , l'oxygène O^{15} et le fluor F^{18} incorporés dans des radiopharmaceutiques administrés au sujet par injection ou inhalation.

Ces radio-isotopes présentent une carence en neutrons et se désintègrent lorsqu'un proton se transforme spontanément en neutron pour pallier à ce manque, provoquant ainsi l'émission d'un positon. On les utilise surtout, d'une part parce qu'ils se désintègrent exclusivement en émettant des positons, et d'autre part parce que le carbone, l'azote, l'oxygène et le fluor sont déjà très présents dans les molécules du corps humain. Par conséquent, l'ajout de ces radio-isotopes ne modifie pas de façon significative les propriétés chimiques de ces molécules, ce qui explique l'intérêt de les utiliser.

Ces radioéléments n'existent pas comme ça dans la nature à l'état pur. Il faut donc les produire artificiellement. Cela se réalise via un **cyclotron** qui adjoint des protons aux isotopes stables par l'entremise d'un bombardement à haute énergie des noyaux stables à l'aide de protons et de deutérons. Compte tenu que la demi-vie de ces radioéléments est inférieure à deux heures⁵⁵, ils doivent être produits immédiatement avant leur utilisation. Il s'avère donc nécessaire qu'un cyclotron se trouve sur les lieux mêmes de l'examen ou à proximité. On comprend alors pourquoi jusqu'à ces dernières années, seuls de fort peu nombreux centres spécialisés pouvaient réaliser des examens TEP.

Intérêt de la TEP

La technique TEP jouit d'une **résolution bien meilleure que celle de la TEMP** que nous avons exposée auparavant, et nous fournit en images fonctionnelles plus précises. Ses intérêts sont donc nombreux. Ainsi, depuis son introduction, les médecins et les chercheurs disposent pour la première fois d'un instrument capable de leur montrer le cerveau à l'œuvre. Ils peuvent localiser, en introduisant dans le sang du patient des substances comme du glucose ou de l'oxygène légèrement radioactifs, les régions du cortex cérébral les plus actives durant diverses tâches cognitives comme l'écoute, le

⁵⁵ De 2,03 minutes pour l' O^{15} à 109,8 minutes pour le F^{18} . Ce qui n'est pas un mal, vu que cela réduit au minimum l'exposition aux rayonnements tout en allouant suffisamment de temps aux observations.

langage, la concentration, le calcul, la mémoire, etc., et de la sorte, mieux comprendre les bases de son fonctionnement⁵⁶. Malheureusement, elle fait appel à un équipement et à un personnel hautement spécialisés⁵⁷, de sorte que son acquisition et son fonctionnement se révèlent vraiment coûteux.

2.3 Échographie et Doppler

L'**échographie**⁵⁸, technique d'imagerie médicale apparue il y a une trentaine d'années, **repose sur la propagation et l'absorption des ultrasons**⁵⁹ **dans le corps humain ainsi que sur leur réflexion par certaines structures organiques rencontrées**. Pour se donner une idée plus explicite, elle est basée sur le même principe que celui utilisé par les chauves-souris et les dauphins pour se repérer : lorsqu'un faisceau d'ultrasons émis par une source rebondit contre un objet quelconque, les échos renvoyés peuvent être utilisés par cette même source pour obtenir une image de cet objet.

D'un point de vue pratique, un appareil à ultrasons, appelé aussi échographe, se compose d'une console comportant ordinateur et écran vidéo, à laquelle est reliée par un câble une sonde échographique. Cette sonde, que l'on promène à la surface du corps du patient ausculté, est l'élément essentiel de l'appareil, et fonctionne, on le comprend facilement, à la fois comme un émetteur et un récepteur... afin d'obtenir une image de la région à observer. Le patient est généralement couché sur une table d'examen et on lui applique une mince couche de gel sur la peau de façon à éliminer la présence d'air entre la sonde et celle-ci, ce qui gênerait le passage des ultrasons. Le médecin ou le radiologue obtient et examine alors en temps réel sur l'écran vidéo les images en niveaux de gris des différents organes souhaités. Ainsi, l'eau qui n'absorbe pas les ultrasons, et les os (tout comme l'air) qui les arrêtent totalement, se présentent respectivement en noir, et en blanc. Les tissus, quant à eux, apparaissent en gris, selon une "tonalité" variant en fonction de leur teneur en eau et en graisse.

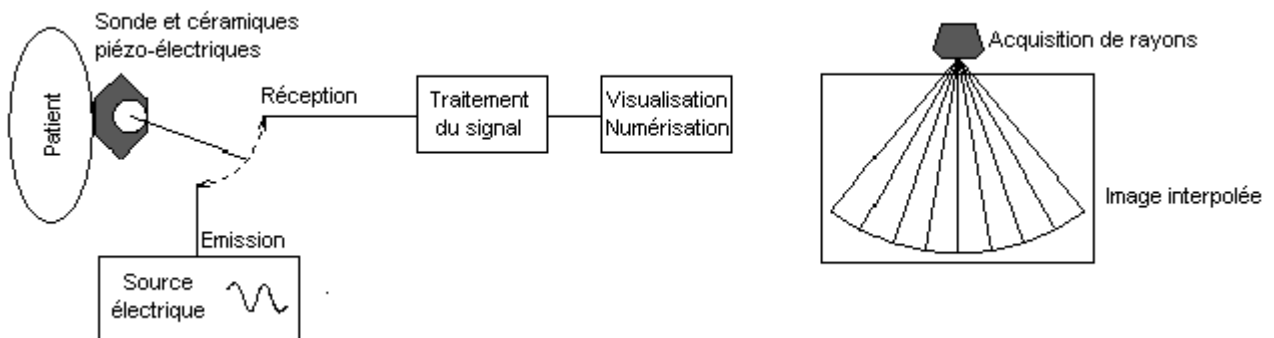


Figure A2.6 - Système d'acquisition d'images ultrasonores ([Ouv16]).

Sur un plan plus théorique, un faisceau d'ondes ultrasonores⁶⁰ d'une fréquence adaptée⁶¹ à la profondeur de l'organe que l'on souhaite explorer, émis par un cristal piézoélectrique intégré dans une sonde échographique apposée sur la peau, se propage à des vitesses différentes dans le corps en fonction des tissus qu'il traverse. Lorsque ces ondes rencontrent une discontinuité tissulaire, elles provoquent une réflexion acoustique partielle, i.e. un écho, dont l'intensité varie bien sûr en fonction des structures organiques rencontrées. Une partie d'entre elles est alors renvoyée à la sonde, qui sert donc bien simultanément de récepteur. La connaissance de la vitesse de propagation des ultrasons dans les différents tissus permet de localiser cette discontinuité en mesurant le temps de retour de l'écho. Chaque écho peut ensuite être représenté par un point situé sur la ligne d'émission des ultrasons. L'émission dans plusieurs directions permet, via un ordinateur analysant ces informations, de

⁵⁶ Ces substances iront en réalité s'accumuler en plus grande quantité dans ces régions plus actives.

⁵⁷ Pour que les données TEP soient précises, la tête du sujet se doit d'être parfaitement immobilisée au moyen d'un moule en plastique fait sur mesure avant l'examen. Remarquez que ce dernier peut durer une heure ou plus.

⁵⁸ Ou **imagerie par ultrasons**.

⁵⁹ Sons de fréquence élevée inaudibles pour l'être humain, donc inoffensifs.

⁶⁰ Qui se propagent aisément dans les liquides ou dans les demi-solides, et plus particulièrement, dans les tissus parenchymateux humains dont elles distinguent l'élasticité et la densité.

⁶¹ 2,5 à 10 MHz.

reconstituer une image en coupes de la région examinée et par conséquent, d'obtenir le contour et la structure de l'organe observé. Le renouvellement de ces images plusieurs fois par seconde permet d'obtenir soit une image dynamique, où l'on voit en continu l'organe balayé par la sonde, soit les mouvements à l'intérieur du corps si l'on reste au même endroit.

L'échographie permet ainsi d'explorer toutes sortes d'organes, qu'ils soient superficiels (thyroïde, sein, testicule, tendon, muscle, articulation) ou profonds (foie, vésicule biliaire, pancréas, rate, rein, vessie... mais aussi fœtus). Elle autorise souvent un diagnostic rapide de maladies qui nécessitaient auparavant des méthodes d'investigations plus lourdes ou moins précises (calcul vésiculaire, tumeur hépatique, rénale, malformations fœtales).

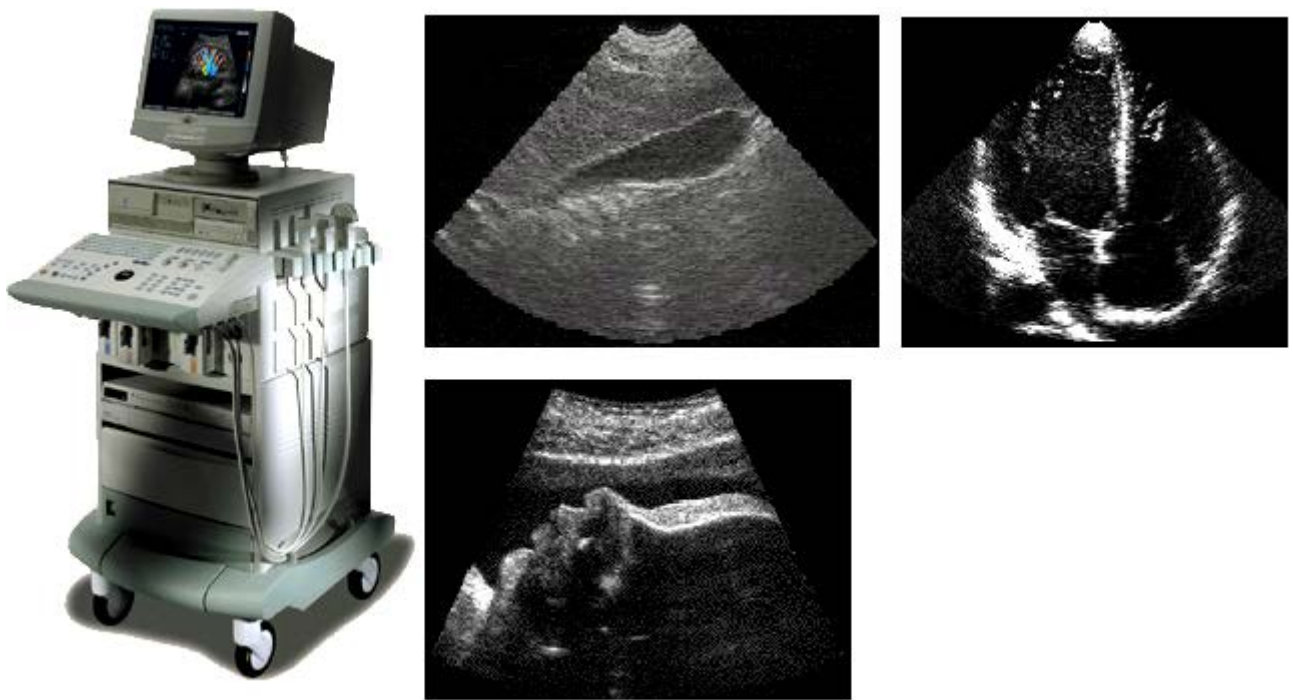


Figure A2.7 - A gauche, un échographe ([Web2]). A droite, plusieurs exemples d'images ultrasonores : vésicule (en haut à gauche), cœur (en haut à droite) ([Ouv16]), et tête de fœtus ([Web 8]).

On entrevoit ainsi les multiples avantages qu'offre cette technique, lui permettant ainsi de tenir une place de plus en plus importante au côté de la radiographie conventionnelle, du scanner et de l'IRM : simplicité et rapidité d'exécution, absence de préparation particulière (grand intérêt en urgence), totale innocuité du fait de son caractère non invasif⁶²... mais aussi et surtout, **en l'absence de rayonnement ionisant, pas de contre-indication chez les femmes enceintes et possibilité de reproduire ces examens aussi souvent que nécessaire sans aucun risque**. Les inconvénients sont rares et on parlera plutôt des limites de l'examen : il existe des gens plus ou moins photogéniques, il en est de même pour l'échographie, il n'est pas toujours possible d'obtenir des images de grande qualité dans certaines circonstances.

L'échographie a bénéficié de **nombreux progrès depuis sa découverte**. Il est notamment possible d'étudier les flux sanguins dans les artères, veines, organes ou encore tumeurs, sous forme spectrale et/ou en couleur⁶³. C'est ce qu'on appelle l'échographie Doppler. Ce nouveau type d'échographie complète "la traditionnelle" en utilisant les changements de fréquence des ondes ultrasonores observées depuis un point fixe⁶⁴ lors de leur réflexion sur un objet en mouvement. Il s'agit en fait d'une application de l'effet Doppler bien connu des physiciens : un son émis par un objet mobile réfléchissant devient de plus en plus aigu lorsqu'il se rapproche et à l'opposé, de plus en plus grave

⁶² Pas d'injection ni de ponction.

⁶³ Les flux sanguins sont colorés différemment à l'écran, selon l'intensité des vitesses de déplacement des globules rouges et leur direction.

⁶⁴ La sonde d'échographie.

lorsqu'il s'éloigne⁶⁵. On peut ainsi reconstituer la vitesse de déplacement des globules rouges dans les artères et les veines, et déterminer si un vaisseau est rétréci ou obstrué, ou s'il existe des turbulences, en analysant le tracé obtenu (**Doppler pulsé**⁶⁶). On peut même visualiser en couleurs le sang qui circule dans ces vaisseaux (**Doppler couleur**⁶⁷).

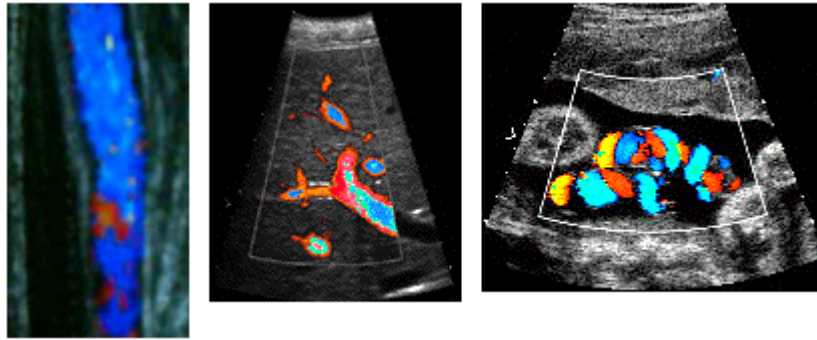


Figure A2.8 - Echos doppler de la veine jugulaire ([Web 2]), du foie et du cordon ombilical ([Web 8])

⁶⁵ C'est le même principe que le radar de la police.

⁶⁶ En **Doppler pulsé**, on envoie un train d'ondes puis on écoute l'onde réfléchie. On obtient un spectre, graphique représentant en abscisse, le temps... et en ordonnée, les valeurs de vitesse ou de fréquence selon les machines et les réglages de celle-ci. Les points sur le graphique évoquent les différents éléments réfléchissants, c'est à dire les hématies. Le Doppler pulsé permet ainsi une mesure quantitative et qualitative sur un échantillon donné de petite taille.

⁶⁷ Le **Doppler couleur** utilise le même principe : ici, plusieurs trains d'onde sont émis et la différence de fréquence avec l'onde réfléchie est visualisée sous la forme d'une carte couleur avec en bleu les flux s'éloignant de la sonde et en rouge le flux s'en rapprochant. Le Doppler à codage couleur permet une analyse de signal Doppler non plus sur un petit échantillon de mesure... mais sur tout un plan d'exploration inclus dans l'image bidimensionnelle classique.

Annexe 3

Rappel sur quelques notions mathématiques

3.1 Métrique et distance

On appelle **fonction distance** ou **métrique** sur un **ensemble** E une **application** $d : E \times E \rightarrow \mathcal{R}$ vérifiant :

- a) $\forall a, b \in E, \quad d(a, b) \geq 0 \quad \text{et} \quad d(a, b) = 0 \Leftrightarrow a = b$ **définie positive**
- b) $\forall a, b \in E, \quad d(a, b) = d(b, a)$ **symétrie**
- c) $\forall a, b, c \in E, \quad d(a, b) \leq d(a, c) + d(c, b)$ **inégalité triangulaire**

Un **ensemble** E avec une **métrique** d est appelé un **espace métrique**. Etant donné a et $b \in E$, la valeur $d(a, b)$ est appelée la **distance entre a et b** .

Les **métriques usuelles** d_1 , d_2 et d_∞ définies pour $(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n)$ et $(y_1, y_2, y_3, \dots, y_n) \in \mathcal{R}^n$, par

$$d_1 = \sum_{i=1}^n |x_i - y_i|, \quad d_2 = \sqrt{\sum_{i=1}^n |x_i - y_i|^2}, \quad \text{et} \quad d_\infty = \sup_i |x_i - y_i|$$

vont devenir respectivement $d_4 \geq d_E \geq d_8$ dans \mathcal{Z}^2 , en l'occurrence :

- $d_4(a, b) = |x_b - x_a| + |y_b - y_a|$ **city block, Manhattan, diamond**
- $d_8(a, b) = \max(|x_b - x_a|, |y_b - y_a|)$ **chessboard, square, échiquier**
- $d_E(a, b) = \sqrt{(x_b - x_a)^2 + (y_b - y_a)^2}$ **distance euclidienne**

pour deux pixels $a(x_a, y_a)$ et $b(x_b, y_b)$.

Remarquons que

- dans le cas de la **distance euclidienne** d_E , les pixels à une distance $\leq r$ du pixel (x, y) sont ceux situés dans un **cercle de rayon r** centré en (x, y) .
- dans le cas de la **distance diamond** d_4 , les pixels à une distance $\leq r$ du pixel (x, y) forment un **diamant** centré en (x, y) .
- dans le cas de la **distance chessboard** d_8 , les pixels à une distance $\leq r$ du pixel (x, y) forment un **carré** centré en (x, y) .

3.2 Voisinage et connexité

Un **point p** d'une image est défini par ses **coordonnées cartésiennes** (x, y) dans le cas **2D** et (x, y, z) dans le cas **3D**. En 2D comme en 3D, **différents types de voisinages ou de connexités** peuvent être envisagés. **Sur une image 2D**, un point p possède **4 voisins directs** dans la direction des axes et **4 autres voisins indirects** dans les diagonales.

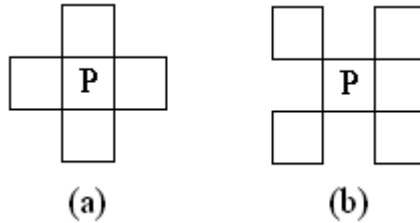


Figure A3.1 - Voisins directs (a) et indirects (b) ([Ouv26]).

On définit donc le **4-voisinage** et le **8-voisinage**, en considérant respectivement les voisins *directs*, ou *directs* et *indirects*. Ces notions sont si intimement liées aux distances d_4 et d_8 qu'on ne sait jamais dans quel ordre les présenter ! Un **chemin** de p_0 à p_k est une suite de points p_0, p_1, \dots, p_k telle que p_i est voisin de p_{i-1} pour $1 < i < k$. On dit que le chemin est *n-connexe* ($n = 4$ ou 8) selon le type de voisinage, ou **-connexe* si le type n'est pas établi.

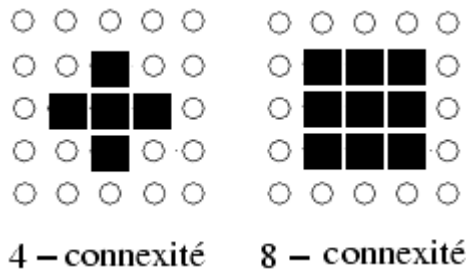


Figure A3.2 – Les connexités dans le cas 2D ([Ouv29]).

En **3D**, on définit couramment **trois types de relation de voisinage** : la **6-connexité** (voisins en direction des trois axes de l'image), la **18-connexité** qui tient compte des dix-huit voisins des plans orthogonaux, et la **26-connexité** qui considère tous les voisins immédiats.

Le **choix de la connexité** est **important** car il détermine la topologie des frontières entre les régions connexes. En 2D, des régions construites en 8-connexité ont des frontières 4-connexes et vice-versa. De même en 3D, des régions construites en 6-connexité génèrent des frontières 26-connexes.

Un **arc** est un chemin tel que chaque point a exactement **2 voisins**, sauf les extrémités qui n'en ont qu'un. Une **courbe** est un arc fermé. Pour compléter le vocabulaire, **deux points voisins** sont dits *adjacents*, et **deux points reliés par un chemin** sont *connectés*. Les définitions d'objet, d'arc et de courbe sont toutes à prendre pour un type de connexité fixé.

Annexe 4

Les espaces de couleurs

Un **espace de couleurs** est un **système de coordonnées** représentant une couleur numériquement. Un système de coordonnées de couleurs typique a trois axes de coordonnées ou plus. En d'autres mots, un **espace de couleur** est un **schéma de représentation de couleurs**. Un système de représentation de couleurs **idéal** devrait être **capable de faire les choses suivantes** :

- **représenter toutes les couleurs visibles.** L'étendue des couleurs représentées par un tel système est appelé la *gamme*.
- **Représenter une couleur si bien qu'elle apparaît la même sans tenir compte des matériels utilisés pour la capturer.** Par exemple, si vous imprimez une image elle devrait apparaître identique que sur un écran. Cela signifie que nous avons besoin d'un système de spécification de couleurs indépendant du matériel. Développer une telle spécification n'est pas une tâche facile¹.

4.1 Le système *RGB*

Nous pouvons représenter le système *RGB* comme un **cube unitaire** avec comme axes les **trois couleurs primaires rouge (R), vert (G), et bleu (B)**. Chaque point à l'intérieur du cube représente une couleur qui est une combinaison linéaire de valeurs de rouge, de vert et de bleu. Ainsi, une couleur est donnée par l'équation suivante $C=R.i+G.j+B.k$ où i, j et k représentent des vecteurs dans un espace de couleurs tridimensionnel *RGB*. Avec le schéma *RGB*, l'origine du cube est noir, et le sommet opposé de l'origine est blanc. Les niveaux de gris sont donc représentés le long de la diagonale principale. En d'autres mots, chaque point le long de cette diagonale a des contributions égales pour chaque couleur primaire. **Le système *RGB* est un système additif : les couleurs primaires sont ajoutées ensemble pour produire une autre couleur.** Ce système marche bien avec les moniteurs vidéo qui produisent une couleur en combinant différentes lumières.

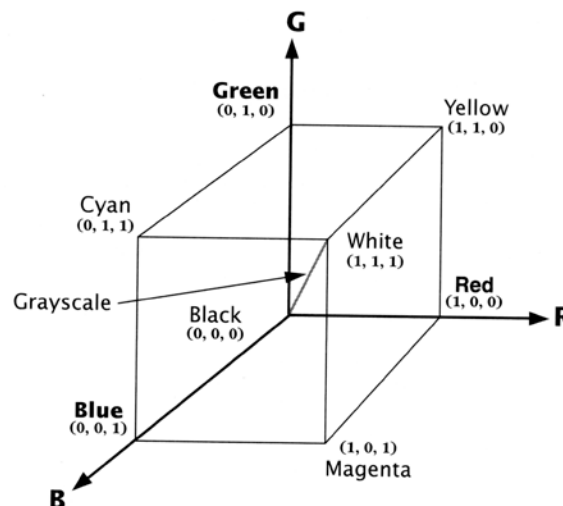


Figure A4.1 - Le système de coordonnées de couleurs RGB ([Ouv34]).

¹ Ces dernières années, il y a eu beaucoup de tentatives pour réaliser une telle spécification notamment par le *CIE* (Abréviation française du "International Commission on Illumination") qui a développé l'espace de couleurs *XYZ* (Ce ne sont pas des couleurs réelles. Nous n'en dirons pas plus et renvoyons les gens intéressés vers des ouvrages spécialisés.) ou plus récemment *HP* et *Microsoft* qui ont proposé un espace standard *RGB*.

4.2 Le système $CMY(K)$

Tandis que le système RGB est largement utilisé par les moniteurs vidéo, des matériels comme les imprimantes utilisent un système de couleurs différent appelé CMY . Dans ce système, les couleurs primaires sont le cyan (C), le magenta (M), et le jaune (Y). C'est un système soustractif : autrement dit, au contraire du système RGB , les composantes de la lumière incidente sont soustraites pour produire différentes couleurs. Le cube unitaire montré à la figure A4.2 est l'inverse du cube de la figure A4.1. L'origine est blanche et son sommet opposé est noir. Ce modèle est souvent appelé système $CMYK$ puisque le processus d'impression utilise une collection de quatre cartouches d'encre, une chacune pour les couleurs primaires et une autre pour le noir.

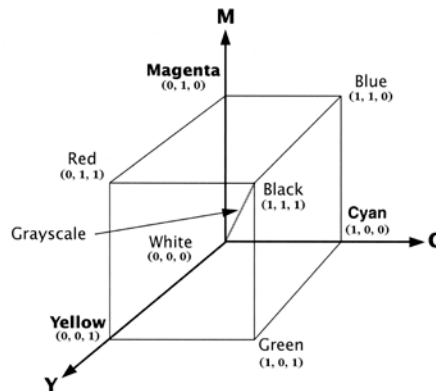


Figure A4.2 – Le système de coordonnées de couleurs $CMY(K)$ ([Ouv34]).

4.3 Le système HSV (appelé aussi HSB)

Le système HSV (*Hue, Saturation, Value*) dont nous allons parler maintenant est aussi appelé système HSB (*Hue, Saturation, Brightness*). Tandis que les systèmes RGB et CMY ont été développés avec des considérations matérielles à l'esprit, le système HSB est **orienté utilisateur**. C'est un système de coordonnées cylindriques avec comme axes la *nuance* (H), la *saturation* (S) et la *luminosité* (V ou B). La nuance est présentée comme un angle autour de l'axe vertical, dont l'étendue de 360 degrés est divisé en intervalles de 60 pour former un hexagone. Chaque sommet de cet hexagone représente une couleur. La valeur de saturation est un rapport qui s'étend de zéro à un (c-à-d de la ligne centrale aux côtés triangulaire de l'hexagone). La luminosité est représentée le long de l'axe vertical. Au point inférieur de l'hexagone, la luminosité vaut zéro, alors que tout en haut, elle vaut 1. Un point à l'intérieur de l'hexagone unitaire représente une couleur. Quand $S = 0$ et $V = 1$, la couleur est blanche. Les valeurs intermédiaires de V représentent des niveaux de gris.

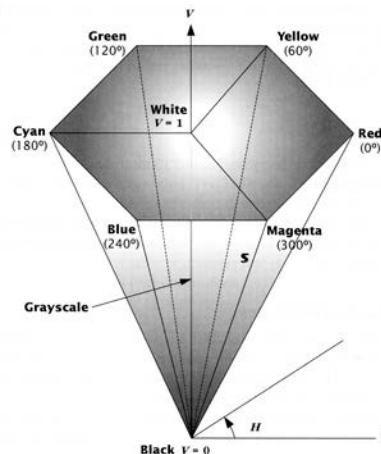


Figure A4.3 – Le système de coordonnées de couleurs HSV ([Ouv34]).

Annexe 5

La norme et le format d'images DICOM

La norme *DICOM* ("*Digital Imaging and Communication in Medicine*"), émise initialement par l'ACR en association avec la *NEMA*¹, est actuellement mise à jour par ces deux organismes secondés par d'autres comités d'experts internationaux tels que le *JRIA* (*Japan Research Industries Association*) au Japon, l'*ANSI* (*American National Standard Institute*) aux U.S.A., et le *CEN*/*TC251* (*Comité Européen de Normalisation – Technical Committee 251*)² en Europe.

Cette norme définit principalement un format spécifique pour les images médicales mais aussi des méthodes de connexion, de communication, de transfert et d'identification des données médicales entre les divers équipements d'imagerie médicale numérique. Elle constitue un réel progrès dans le domaine et tend sérieusement à devenir le standard de communication entre machines d'imagerie médicale³. La raison en est simple : cette norme vise à obtenir les images du patient et toutes les informations qui lui sont associées dans un format identique; ce qui permet alors aux différents équipements d'imagerie médicale de communiquer localement, à distance ou au travers d'un média numérique⁴ en s'assurant de leur compatibilité et en éliminant le problème des formats propriétaires.

De nos jours, le matériel devrait être complètement "*conformant DICOM*". En réalité, la plupart des équipements ne le sont que partiellement. C'est d'ailleurs la responsabilité de l'utilisateur d'acheter des systèmes *DICOM* ouverts, c-à-d connectables par un réseau TCP/IP Ethernet et/ou pouvant diffuser les informations sous la forme d'un média numérique.

On peut encore souligner que la norme *DICOM* est orientée objet. Cela signifie explicitement que chaque objet *DICOM* (le plus souvent une image) contient à la fois les informations (nom du patient, pixels de l'image, etc.) et les méthodes (ou fonctions) que ces dernières doivent subir (imprimer, sauvegarder, etc.).

5.1 Pourquoi un format spécifique pour les images médicales ?

☞ Un tel format permet une identification unique des images produites.

Un service de radiologie produit **journellement plusieurs milliers d'images** : il s'avère donc impossible de classer ces images dans un format courant de type *JPEG* ou *GIF* car il y aurait un **risque sérieux de pertes des données démographiques des images** (nom du patient, type et date d'examen, hôpital, modalité d'acquisition, etc.). Le format *DICOM* permet pour chaque image produite de la rendre unique et de leur associer des informations caractéristiques. De la sorte, chaque image est autonome... et si elle est perdue, reproduite ou renommée, il est toujours possible d'identifier formellement son origine, ainsi que de retrouver des renseignements qui lui sont accolés (nom du patient, paramètres d'acquisition, etc.).

Le format n'est pas rigide puisqu'il contient des informations obligatoires et d'autres optionnelles. Plusieurs numéros d'identification uniques, nommés *UID*⁵ sont générés

¹ L'ACR s'attache aux consignes techniques et médicales, tandis que la *NEMA* se préoccupe des publications et des problèmes légaux, pour éviter des conflits d'intérêts ou une éventuelle infraction aux lois anti-trust.

² *Standardisation dans le secteur de la Santé*.

³ La norme *DICOM* est d'ailleurs désormais utilisée par la plupart des fabricants de matériel d'imagerie médicale.

⁴ CD-Roms, disques Zip, disques optiques effaçables, etc.

⁵ Pour "*Unique Identifier*".

automatiquement par les machines *DICOM* et donc forcément présents dans chaque image *DICOM*. Il ne peut pas exister deux *UID* identiques pour désigner des informations différentes, et ceci quelles que soient la machine et sa localisation. Ainsi, l'*UID* d'une série d'images est spécifique à une date, un patient, une étude, un hôpital et une machine donnés. Cette **identification** est **nécessaire non seulement pour des raisons médicales et médico-légales, mais aussi pour permettre aux machines la formation et la gestion de bases de données.**

☞ Il est indépendant des machines et des protocoles de communication.

La norme *DICOM* n'intervient qu'au niveau "applicatif", niveau le plus haut de la communication entre les machines, i.e. elle ne s'occupe que de la communication d'un programme à un autre. Ceci sous-entend que les câblages physiques, les connexions de bas niveau et le protocole réseau⁶ soient établis.

☞ Il utilise un vocabulaire contrôlé.

Il est important que d'une machine à l'autre le vocabulaire soit semblable. Ainsi, on identifie les données de façon universelle quelle que soit la machine. *DICOM* utilise dans ce but la norme *SNOMED*⁷ mise au point par les anatomo-pathologistes.

☞ La norme (et donc le format) peut facilement se réviser et se modifier grâce à la multiplicité des documents de référence.

Actuellement, la norme *DICOM* 3.0⁸ se compose de douze parties auxquelles s'ajoutent des suppléments. La rédaction de cette norme suit des directives strictes établies par le comité *ISO*⁹.

☞ Finalement, le format est adaptable aux autres spécialités médicales.

Ainsi, ce format est déjà adopté par les cardiologues, les dentistes, les anatomo-pathologistes et les gastro-entérologues.

5.2 Le fichier *DICOM*

Un fichier *DICOM* comprend les données "brutes" correspondant aux pixels de l'image. Habituellement, ces données sont groupées à la fin du fichier et précédées par d'autres plus techniques et démographiques.

L'organisation de l'information contenue dans les fichiers *DICOM* a été inspirée par la sauvegarde de données sur des bandes magnétiques. L'information est organisée sous une forme séquentielle. Chaque *information élémentaire* est constituée de 3 champs de données. Le premier champ est codé sur huit octets, il s'agit d'une "*balise*" (ou "*tag*"), répertoriée dans le dictionnaire *DICOM*, indiquant le type d'information qui va suivre. Le second champ, également de huit octets, indique la longueur de l'information contenue dans le troisième. Quant au dernier, il contient l'information "*proprement dite*" jusqu'à la balise suivante.

Donc, en résumé, une *information élémentaire DICOM* est formée par trois champs de données successifs :

- Le premier correspond aux balises du dictionnaire (Par exemple, l'âge du patient : 0x0010 1010 en hexadécimal).
- Le deuxième donne la longueur en octets du champ suivant (La valeur de l'âge du patient est par exemple codé conventionnellement sur deux octets : 0x0000 0002).

⁶ En général, il s'agit de *TCP/IP*.

⁷ Pour l'acronyme anglophone "*Systemized NOMenclature for MEDicine*".

⁸ Nommée aussi *ACR/NEMA Version 3*.

⁹ Diminutif de "*International Standard Organization*".

- Et enfin, le **troisième de longueur variable** déterminée par le champ précédent renferme la **véritable information identifiée par le premier champ**.

Pour illustrer ce qui vient d'être dit, si l'on rencontre dans un flux de données *DICOM* les éléments hexadécimaux suivants, 00 10 00 10 00 00 00 0A 4A 6F 68 6E 5E 48 65 6E 72 79, on peut le décomposer ainsi

Longueur en octets	4 octets	4 octets	8 octets	L octets									
Rôle	balise <i>groupe</i>	balise <i>élément</i>	longueur L du champs suivant (elle peut varier)	Information en tant que telle									
Valeur hexa-décimale	0010	0010	0000000A	4A 6F 68 6E 5E 48 65 6E 72 79 (ici L vaut 10)									
Signification	0x0010 correspond dans le dictionnaire au code hexadécimal du groupe de données codant l'information du patient.	0x0010 0010, est la balise du dictionnaire indiquant que l'information sera le nom du patient	Indique la longueur du champ suivant. Dans ce cas, la valeur A en hexadécimal correspond à 10 en décimal.	Ici, la signification induite par les balises <i>groupe</i> et <i>élément</i> est le nom du patient en ASCII.									
				4A	6F	68	6E	5E	48	65	6E	72	79
				J	o	h	n	^	H	e	n	r	y

Remarquons que **ces informations se succèdent à la suite les unes des autres dans un ordre croissant de balises**. Il est ainsi **possible d'ignorer certaines informations contenues dans des champs d'information et de passer à la balise suivante**, ce qui permet de "**sauter**" **une balise dont on ne connaît pas la signification**. Parmi toutes les données que l'on trouve dans le flux *DICOM*, on peut citer :

Identification de la machine	<ul style="list-style-type: none"> ☞ Date d'examen ☞ Type d'examen ☞ Fabricant de la machine ☞ Hôpital ou institution ☞ Identification de la machine (numéro, type)
Informations sur le patient	<ul style="list-style-type: none"> ☞ Nom ☞ Identification ☞ Date de naissance ☞ Sexe

Informations sur l'acquisition des données	<ul style="list-style-type: none"> ☞ Bolus/Contraste ☞ Paramètres KiloVolts ☞ Inclinaison du statif ☞ Epaisseur de coupe ☞ etc. (variable suivant le type d'examen)
Informations en rapport avec l'examen	<ul style="list-style-type: none"> ☞ Série, ☞ Orientation du patient ☞ Plan de références ☞ Nombres d'images dans l'acquisition ☞ Commentaires
Informations sur l'image elle-même et la façon dont elle est codée	<ul style="list-style-type: none"> ☞ Largeur ☞ Hauteur ☞ Codage de l'image (niveaux de gris, échelles de couleur,...) ☞ Compression ☞ Représentation numérique de l'image
Données brutes sur les pixels/voxels	<ul style="list-style-type: none"> ☞ Représentation numérique de l'image elle-même

Quelques éléments intéressants du Dictionnaire *DICOM*

Nous avons vu ci-dessus que les huit premiers octets d'une information élémentaire se décomposent en deux séries de quatre octets où les quatre initiaux représentent un groupe d'information et les quatre suivants précisent quel élément du groupe sera défini dans la balise. En voici justement un aperçu :

<i>Balise groupe en hexadécimal</i>	<i>Signification</i>
0000	Commande.
0008	Identification sur le centre hospitalier.
0010	Information sur le patient.
0018	Type d'acquisition (épaisseur de coupe, temps d'écho, produit de contraste,...).
0020	Positionnement et informations relatives à l'acquisition.
0028	Présentation de l'image (dimensions, niveaux de gris, table de couleurs).
4000	Texte

6000 à 601E	Overlay, Type de compression, etc.
7FE0	Pixels/voxels de l'image.

<i>Balise Groupe</i>	<i>Balise Elément</i>	<i>Information représentée</i>	<i>Balise Groupe</i>	<i>Balise Elément</i>	<i>Information représentée</i>
0000	xxxx	<i>Group Length</i>	0018	0010	<i>Contrast Agent</i>
4000	xxxx	<i>Comments</i>	0018	0030	<i>Radionuclide</i>
0008	0010	<i>Recognition Code</i>	0018	0050	<i>Slice Thickness</i>
0008	0020	<i>Study Date</i>	0018	0080	<i>Repetition Time</i>
0008	0021	<i>Series Date</i>	0018	0081	<i>Echo Time</i>
0008	0022	<i>Acquisition Date</i>	0018	0082	<i>Inversion Time</i>
0008	0023	<i>Image Date</i>	0018	1120	<i>Gantry Tilt</i>
0008	0030	<i>Study Time</i>	0020	1030	<i>Position Reference</i>
0008	0031	<i>Series Time</i>	0020	1040	<i>Slice Location</i>
0008	0032	<i>Acquisition Time</i>	0028	0010	<i>Rows</i>
0008	0033	<i>Image Time</i>	0028	0011	<i>Columns</i>
0008	0060	<i>Modality</i>	0028	0030	<i>Pixel Size</i>
0010	0010	<i>Patient Name</i>	0028	0100	<i>Bits Allocated</i>
0010	0020	<i>Patient ID</i>	0028	0101	<i>Bits Stored</i>
0010	0030	<i>Patient Birthdate</i>	0028	0102	<i>High Bit</i>
0010	0040	<i>Patient Sex</i>	0028	0120	<i>Pixel Representation</i>
0010	1010	<i>Patient Age</i>	7FE0	0010	<i>Pixel Data</i>

Pixels et couleurs dans une image DICOM

Dans un fichier *DICOM*, la façon dont les valeurs de pixels sont sauvegardées peut énormément changer¹⁰. Heureusement, la plupart des utilisateurs et des fabricants utilisent le schéma le plus simple. Par exemple, un pixel de douze bits est sauvegardé en *little endian* dans un mot de seize bits sans essayer de le présenter sous une forme plus compacte¹¹.

On peut signaler aussi que *DICOM* permet de visualiser aussi bien la couleur que les niveaux de gris. La couleur peut être transmise sous la forme d'une palette de couleur (Ou Look Up Table) ou d'un codage direct. Les niveaux de gris, quant à eux, peuvent être codés sur une profondeur de huit à trente-deux octets¹².

¹⁰ Si l'octet le plus significatif est transmis en premier, la représentation des valeurs est en "*little endian*". Dans le cas inverse, on parle de "*big endian*".

¹¹ En effet, *DICOM* permet tous les types connus de compression.

¹² Ce qui représente 256 à 64 millions de niveaux distincts.

5.3 En conclusion

La norme *DICOM* paraît assez compliquée car d'une part, elle se veut universelle, adaptable ainsi qu'orientée objet, et d'autre part, les documents descriptifs de la *NEMA* sont très techniques et donc difficiles à appréhender.

Néanmoins, elle permet un **mode d'identification très précis de chacune des images émise par nos appareils d'imagerie numérique** car à chacune de ces images est associée des informations techniques, démographiques et médico-légales ainsi qu'un **numéro d'identification unique**.

Le respect de la norme *DICOM* facilite la communication mais ne la garantit pas. Effectivement, *DICOM* normalise uniquement la communication de programmes entre machines déjà connectées matériellement : ce protocole ne décrit par conséquent les communications ni à un niveau physique (connecteurs, câbles), ni au niveau des protocoles réseaux (TCP/IP ou autres).

Malgré ce dernier point, par la capacité qu'elle apporte à gérer un grand nombre d'images sans risque de mélange ou de perte d'information, on peut affirmer sans crainte que **la norme *DICOM* nous autorise dans le futur à envisager sous de meilleures auspices le diagnostic et le travail à partir de documents numériques**.

Nous clôturerons cette annexe en vous recommandant chaudement les adresses Internet suivantes où il vous est possible de trouver des **documents sur la norme *DICOM*** : <http://www.xray.hmc.psu.edu/Dicom/> et <http://www.nema.org/>.

Annexe 6

Autres domaines intéressants et en devenir liés au traitement d'images médicales

Par pure *curiosité scientifique*, et dans un souci de démontrer toute la dynamique existant dans l'univers de l'informatique et de l'imagerie médicale, nous réalisons ici un petit aparté sur quelques sujets quand même fort intéressants.

6.1 Analyse du mouvement

L'analyse du mouvement dans des séquences d'images dynamiques semble un sujet difficile, car les données sont en quatre dimensions (trois dimensions spatiales, une dimension temporelle). L'analyse d'images peut fournir un champ vectoriel décrivant le déplacement de chaque point entre deux images successives. On peut également rechercher une **représentation plus globale du mouvement, en utilisant un modèle dynamique décrit par un petit nombre de paramètres quantitatifs**.

Pour retrouver un déplacement entre deux images successives, on peut utiliser les modèles déformables cités auparavant dans ce travail¹, ou bien des méthodes qui s'appuient sur des attributs différentiels calculés dans les images, comme les contours, ou les points de forte courbure.

Certaines images bénéficient d'un **marquage physique de lignes et de points** : c'est le cas de l'*IRM marquée*² ou "*Tagged MRI*", dans laquelle on magnétise de manière différente certains tissus selon un motif géométrique régulier (typiquement une grille spatiale). Cette grille est visible dans la première image, et on peut suivre sa déformation dans les images suivantes.

6.2 Simulation de chirurgie

La recherche dans ce domaine s'applique à définir des modèles géométriques et biomécaniques des organes et tissus mous pour simuler en temps réel leur déformation, découpe ou suture. Les contraintes du temps réel impliquent la synthèse des images à la cadence minimale de 24 Hz, et le calcul des forces appliquées en retour sur les instruments chirurgicaux à la cadence de plusieurs centaines de Hertz.

Beaucoup de travaux s'appuient sur des **modèles de type masses-ressorts**, car ils permettent une implémentation relativement simple, et des temps de calcul raisonnables³. D'autres s'appuyant sur les *éléments finis*⁴ permettent de modéliser plus finement les propriétés biomécaniques des tissus mous. Ils sont pourtant habituellement moins utilisés, car leur implémentation est plus complexe, et leur utilisation plus coûteuse en temps de calcul.

Un état de l'art sur la modélisation des tissus mous a été publié récemment dans [Pub19] par H. DELINGETTE. Au sein de l'équipe *Epidaure* de l'INRIA⁵, S. COTIN et lui-même ont introduit une approche permettant de déformer un objet volumique élastique linéaire et de calculer les forces perçues en retour en temps réel. Ceci est rendu possible par le calcul préalable de déformations

¹ Cf. Chapitres 2 et 4.

² Pour ceux que cela intéressent, nous signalons que les principes physiques de l'IRM marquée sont décrits de manière pédagogique dans [Pub 16].

³ On peut citer les études résumées dans [Pub 17] et [Pub 18].

⁴ Nous ne faisons que la citer !

⁵ Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique.

élémentaires stockées une fois pour toutes pour un organe donné.

Ce travail est actuellement prolongé et on peut pour plus de précisions consulter le site Internet suivant qui lui est rattaché : <http://www.inria.fr/epidaure/AISIM/aisim.html>.

6.3 Réalité virtuelle

Depuis 1988, la technologie de la *réalité virtuelle*⁶ ne cesse de se développer grâce aux travaux de nombreux centres de recherche et universités. Parmi toutes les disciplines dans lesquelles la VR est expérimentée, l'une des plus intéressantes est la médecine : les procédures chirurgicales de pointe évoluant depuis quelques années, **les chirurgiens sont maintenant capables d'opérer sans voir ni toucher le corps de leur patient grâce à l'utilisation de caméras vidéo et d'instruments téléguidés**. Cette technique permet donc de nombreuses innovations où coopèrent téléopération, VR, et images numériques... pour en arriver à la chirurgie la moins intrusive possible. Mais elle ne se cantonne pas uniquement à la chirurgie, elle **permet également l'apprentissage pratique médical et thérapeutique**.

6.4 Morphométrie

La morphométrie consiste à étudier quantitativement la géométrie des formes, et en particulier le calcul de formes moyennes et de variations autour de ces formes. La définition de statistiques sur des formes requiert un formalisme adapté, car celles-ci s'appliquent généralement sur des variétés différentielles qui ne sont pas des espaces vectoriels (par exemple les droites, les plans, les repères, les points orientés, les rotations spatiales, etc.).

Le projet européen *Biomorph*, financé par le programme BIOMED-2 de la Communauté Européenne, développe actuellement des outils morphométriques pour étudier la forme et la dissymétrie de certaines structures cérébrales, en particulier chez des patients schizophrènes, ainsi que la mesure automatique de l'évolution de lésions chez des patients souffrant de sclérose en plaques.

⁶ Nommée aussi technologie VR (pour "Virtual Reality").

Annexe 7

Quelques autres fonctionnelles et procédures d'optimisation intéressantes

7.1 Fonctionnelles

7.1.1 La distance de HAUSDORFF¹

D'autres types de distances, comme la distance de HAUSDORFF ont été mises à l'épreuve et ont permis de concevoir des algorithmes encore plus robustes aux différentes perturbations que sont les imprécisions dans le positionnement des points d'arêtes ou tout simplement le bruit que peuvent subir les images.

Définition de la distance de HAUSDORFF.

Le calcul de la distance de HAUSDORFF entre deux images s'effectue en considérant les images comme des ensembles de points binaires. La mesure sur des images à niveaux de gris doit par conséquent s'effectuer après une segmentation de celles-ci.

Étant donnés deux ensembles finis de points $A = \{a_1, \dots, a_p\}$ et $B = \{b_1, \dots, b_q\}$, la distance de HAUSDORFF est définie par :

$$H(A, B) = \max(h(A, B), h(B, A)) \text{ avec } h(A, B) = \max_{a \in A} \min_{b \in B} \|a - b\|,$$

où $\|\cdot\|$ désigne une norme² sur les points de A et de B .

La fonction $h(A, B)$ est appelée la *distance de HAUSDORFF orientée* de A vers B . Effectivement, $h(A, B)$ classe chaque point de A en fonction de sa distance au plus proche point de B , et le point ayant alors le plus grand classement (le point de A ayant la plus grande distance) spécifie la valeur de la distance de HAUSDORFF orientée. Intuitivement, si $h(A, B) = d$, alors chaque point de A doit être éloigné au plus de d de chacun des points de B . Notons que généralement, $h(A, B)$ et $h(B, A)$ peuvent atteindre des valeurs très différentes³.

Le calcul de $H(A, B)$ ne nécessite pas de déterminer une correspondance explicite point à point entre les deux ensembles⁴. Au contraire, il arrive souvent qu'un certain nombre de points d'une image soient tous proches d'un même point de l'autre image. En terme de rapidité ou de coût de calcul, c'est un atout important par rapport aux méthodes utilisant des modèles et calculant point à point les correspondances possibles.

¹ Félix HAUSDORFF est un mathématicien allemand né le 8 novembre 1868 à Wroclaw qui a essentiellement consacré ses travaux sur la topologie et la théorie des ensembles.

² En général, on utilise la norme L_2 ou norme euclidienne; cependant, les résultats sont les mêmes avec n'importe quelle norme de type L_p .

³ Car les distances orientées ne sont pas symétriques.

⁴ Ici, les images.

Appréciation de la qualité d'un recalage

La notion de distance de HAUSDORFF peut parfaitement s'intégrer à une méthode de recalage en imagerie médicale comme fonction à optimiser. Notons A^0 l'image à recaler et B^0 l'image de référence. A partir d'une segmentation de ces images, nous obtenons les images binaires suivantes : A et B . Si t désigne la transformation recherchée, la fonction de coût s'exprime alors par $c(t) = H(t(A), B)$.

La dissymétrie naturelle de la distance de HAUSDORFF qui se décompose suivant deux distances, la *distance directe* $f_A(t) = h(t(A), B)$ de $t(A)$ vers B , et la *distance indirecte* $f_B(t) = h(B, t(A))$, peut s'interpréter comme correspondant aux **aspects hypothèse et test d'une méthode**. Les transformations t minimisant la distance directe sont un ensemble d'hypothèses, hypothèses qui sont ensuite testées en calculant la distance indirecte⁵.

Le calcul de $H(A, B)$ et de $f(t)$

1. Calcul de $H(A, B)$

Une manière de calculer la distance de HAUSDORFF fait appel à la **notion de surface de VORONOÏ**. Une surface de VORONOÏ est **ce que nous obtenons lorsque nous effectuons le calcul d'une transformée distance d'une image binaire**.

En posant $d(x) = \min_{b \in B} \|x - b\|$ et $d'(x) = \min_{a \in A} \|a - x\|$, on a alors :

$$H(A, B) = \max \left(\max_{a \in A} d(a), \max_{b \in B} d'(b) \right).$$

Ceci implique que l'on peut obtenir $H(A, B)$ en calculant $d(a)$ et $d'(b)$ pour tout $a \in A$ et tout $b \in B$. Il se trouve que le graphe $\{(x, d(x)) \mid x \in \mathbb{R}^3\}$ correspond à une extension 3D d'une surface de VORONOÏ de l'image B . Il suffit alors pour connaître la distance orientée $h(A, B)$ de retrouver la valeur maximum du graphe parmi les endroits où coïncident les points de A . La distance inverse est quand à elle calculée de manière identique.

2. Exemple de calcul de distance entre deux images binaires 2D simples

Choisissons A et B de taille identique (5×5). A est composée de 2 points actifs alors que B en comporte 3 (voir les deux tableaux ci-dessous).

$$A = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad B = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Figure A6.1 - Images A et B , de simples bitmaps ([Ouv23]).

Les transformées distance correspondant à ces images sont données dans les deux tableaux suivants. Les points de valeur 0 sur les cartes distances sont les points appartenant à l'image. Les autres valeurs correspondent à la distance séparant un point quelconque au plus proche point de l'image.

⁵ Notons que $f(t) = \max(f_A(t), f_B(t))$. Par conséquent, $f(t)$ est petit uniquement pour les valeurs de t minimisant à la fois f_A et f_B , c-à-d pour les transformations "validant" à la fois l'hypothèse et le test.

$$d(A) = \begin{array}{|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 2 & 2\sqrt{2} \\ \hline \sqrt{2} & 1 & 1 & \sqrt{2} & \sqrt{5} \\ \hline 2 & 1 & 0 & 1 & 2 \\ \hline \sqrt{5} & \sqrt{2} & 1 & \sqrt{2} & \sqrt{5} \\ \hline 2\sqrt{2} & \sqrt{5} & 2 & \sqrt{5} & 2\sqrt{2} \\ \hline \end{array} \quad d(B) = \begin{array}{|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & \sqrt{2} \\ \hline \sqrt{2} & 1 & 1 & 0 & 1 \\ \hline \sqrt{5} & \sqrt{2} & 1 & 1 & \sqrt{2} \\ \hline 2 & 1 & 0 & 1 & 2 \\ \hline \sqrt{5} & \sqrt{2} & 1 & \sqrt{2} & \sqrt{5} \\ \hline \end{array}$$

Figure A6.2 - Transformées distance de A et de B ([Ouv23]).

On en déduit rapidement que $H(A,B)=\max(0+1,0+\sqrt{2}+1)=1+\sqrt{2} \dots$ et l'on remarque que, dans cet exemple, les distances ne sont pas symétriques.

3. Calcul de $f(t)$

Comme nous l'avons expliqué précédemment, dans le cadre d'un algorithme d'optimisation, **on peut se contenter dans un premier temps de ne calculer qu'une seule des deux distances** (inverse ou directe). **Si nous trouvons plusieurs transformations minimisant une des distances, nous décidons en confrontant ces pseudo-solutions à l'autre distance, et nous choisissons alors celle qui la minimise.**

Inconvénient de la méthode

Le calcul de la distance étant décomposée en deux sous-distances, la distance directe et la distance inverse, le nombre d'opérations à réaliser, et par conséquent le coût de calcul sera bien plus élevé. D'autre part, même si le calcul de la distance directe de l'image à recaler transformée vers la référence est relativement facile (on dispose déjà de la transformée distance de l'image de référence), l'autre distance est bien plus complexe à évaluer. En effet, pour calculer la distance inverse de la référence vers l'image à recaler transformée, nous avons besoin de la transformée distance de cette dernière image. Or, nous ne disposons pas actuellement d'une telle information. De plus, il est évident que calculer la transformée distance de l'image pour chaque transformation à tester demandera énormément de temps de calcul. **Aussi, il faudra sans doute soit négliger la distance inverse, soit trouver un moyen de l'approximer rapidement sans avoir à calculer une carte distance complète.**

7.1.2 Le "Head and Hat"

PELIZARRI et d'autres chercheurs [Pub36] ont développé une *méthode populaire* de recalage paramétrique 3D applicable aux images tomographiques du cerveau. **Un modèle surfacique de la "tête" (head) extrait depuis une image est mis en correspondance avec un ensemble de points formant le "chapeau" (hat), extraits des contours d'une autre image, par une transformation rigide (ou éventuellement affine.** Le "chapeau" est fixé sur la "tête" à l'aide d'une stratégie cherchant à minimiser la distance quadratique moyenne des points du chapeau à la surface de la tête.

Le principe de cette méthode du "HEAD AND HAT" vient de la question : "Comment placer de manière optimale un chapeau d'une forme précise sur une tête ?". Ce qui revient à trouver la position optimale du chapeau pour que sa distance moyenne à la tête soit minimale, ou autrement dit, pour qu'il ait une surface de contact avec la tête maximale. Bien sûr ce problème n'aurait pas de solution unique dans le cadre du recalage entre des formes pures et régulières⁶.

⁶ Une calotte sphérique sur une sphère par exemple.

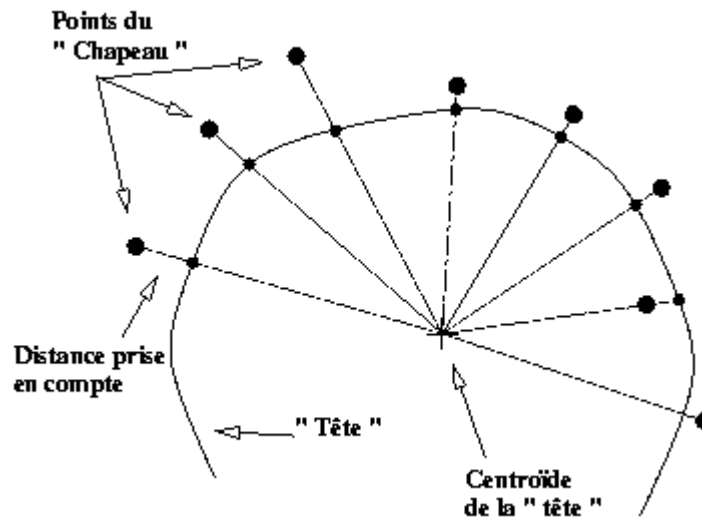


Figure A6.3 - Calcul de la distance de la "tête" au "chapeau" ([Ouv23]).

Le problème de PELIZARRI est donc de **positionner un modèle du chapeau qui est un ensemble de points distincts, sur un modèle de la tête qui est une surface**. Dans le cadre des images médicales, le "*chapeau*" est un ensemble de points issus de la segmentation de la surface externe du crâne sur une image IRM 3D, et la "*tête*" est la surface obtenue par segmentation de la surface externe du crâne sur une image scanner 3D. Le calcul de la distance entre le chapeau et la tête est effectué non pas en calculant pour chacun des points du chapeau la distance exacte à la surface représentant la tête mais en considérant la distance qui sépare ce point et le point de la tête qui est à l'intersection de la surface avec le segment de droite allant du centroïde de la tête au point du chapeau (cf. la figure ci-dessus).

Si on pose d_i la distance entre le point i du chapeau et le point d'intersection correspondant sur la surface, alors la fonctionnelle à minimiser s'écrit $D = \sum_{i=1}^n d_i$.

L'exploration de l'espace de recherche, ou la minimisation de la fonctionnelle s'effectue grâce à la méthode de POWELL (voir ci-dessous), qui ne nécessite pas la connaissance des dérivées de la fonction.

7.2 Procédures d'optimisation

7.2.1 Méthode de POWELL

La méthode dite de POWELL est un **algorithme introduit en 1964 par M.J.D. POWELL⁷ pour trouver le minimum d'une fonction de plusieurs variables sans avoir recours au calcul ou à l'estimation des dérivées de la fonction**.

Cet algorithme est en fait une extension de l'algorithme dit de "changement de variable tour après tour". Le changement est tel que si on l'applique pour trouver le minimum d'une quadrique dans un espace à n dimensions, il choisit des directions de recherche qui permettent de trouver l'optimum en un nombre d'itérations minimal.

L'algorithme est **itératif dans le sens où la recherche du minimum se fait en partant d'un point p_0 et en cherchant le point final p_n en créant une trajectoire de points p_k , k allant de 0 à n de manière récurrente**. À chaque itération k , on commence par effectuer une recherche locale le long

⁷ Cf. [Pub52]

de n directions indépendantes de l'espace $\gamma_1, \gamma_2, \dots, \gamma_n$ autour de p_k . Là où la méthode diffère de la technique du "changement de variable tour à tour" est qu'après chaque itération, on définit une nouvelle direction de recherche γ et on propose de faire la recherche à l'étape suivante sur les directions $\gamma_2, \gamma_3, \dots, \gamma_n, \gamma$. On choisit la direction γ de telle sorte que pour la minimisation d'une quadrique, la recherche soit optimale, c'est-à-dire qu'après k itérations, les k dernières directions de recherches soient toutes mutuellement conjuguées. Notons que cette méthode d'optimisation a été appliquée avec succès pour le recalage d'images médicales avec la technique du "Head and Hat" de PELIZZARI que l'on a présenté plus haut.

7.2.2 Méthode ICP

Une méthode populaire également utilisée dans le recalage d'images est le **calcul itératif des plus proches voisins** (ou **Iterative Closest Points, ICP**). Cet algorithme a été mis au point par BESL et MCKAY au début des années nonante⁸. Cette **approche** ne **définit** pas une fonctionnelle à proprement parler mais plutôt un **algorithme complet de recalage**⁹.

L'algorithme *ICP* est en général utilisé pour rechercher les six paramètres d'une transformation rigide 3D mettant au mieux en correspondance deux ensembles d'entités géométriques. Pour des raisons pratiques, l'ensemble de données à recaler sur le modèle sera un ensemble de points.

Le calcul d'une distance est équivalent à rechercher le minimum d'une norme sur un ensemble d'espaces convexes et est particulièrement adapté à l'utilisation de la méthode de NEWTON. Cette méthode part d'une première approximation du minimum et oriente sa recherche en fonction de la valeur du gradient et de la dérivée seconde (le Hessien dans le cas 3D) de la fonctionnelle à minimiser.

Par exemple, si $\overset{\circ}{r}(\overset{\circ}{u})$ est une entité géométrique paramétrique dont $\overset{\circ}{u}$ est le paramètre, et si $\overset{\circ}{p}$ est un point, la fonction scalaire à minimiser pour trouver la distance du point à l'entité géométrique est $f(\overset{\circ}{u}) = \|\overset{\circ}{r}(\overset{\circ}{u}) - \overset{\circ}{p}\|^2$. En posant ensuite $\overset{\circ}{\nabla} = [\partial/\partial \overset{\circ}{u}]^t$ l'opérateur de gradient vectoriel (où t désigne la transposition vectorielle), f atteint son minimum lorsque $\overset{\circ}{\nabla} f = 0$. Pour le cas où $\overset{\circ}{r}$ est une surface de paramètres $(\overset{\circ}{u}, \overset{\circ}{v})$, le gradient 2D devient $\overset{\circ}{\nabla} f = [f_u, f_v]^t$ et la matrice Hessienne 2D est définie par $\overset{\circ}{\nabla} \overset{\circ}{\nabla}^t(f) = \begin{bmatrix} f_{uu} & f_{uv} \\ f_{uv} & f_{vv} \end{bmatrix}$. L'algorithme de Newton s'applique de la manière suivante : soit $\overset{\circ}{u}_0$ une première approximation du minimum de la fonction f , on calcule $\overset{\circ}{u}_n$ par la formule de récurrence suivante :

$$\overset{\circ}{u}_{k+1} = \overset{\circ}{u}_k - [\overset{\circ}{\nabla} \overset{\circ}{\nabla}^t(f)(\overset{\circ}{u}_k)]^{-1} \cdot \overset{\circ}{\nabla} f(\overset{\circ}{u}_k).$$

Il est à noter qu'il existe une **version accélérée de l'algorithme ICP qui utilise une prédiction parabolique plutôt que linéaire lors des dernières itérations**. On remarque, en effet, que la plupart des fonctionnelles à optimiser sont continues tout comme leurs dérivées première et seconde. Il en résulte un profil en forme de parabole autour du minimum cherché.

7.2.3 Recuit simulé

Le **recuit simulé** (ou **simulated annealing**) propose de faire une **analogie avec le recuit**, un principe de physique du solide à l'origine de son nom. L'explication en détail d'une telle théorie, fondée sur la thermodynamique statistique, dépasserait le cadre de ce travail. Cependant, nous pouvons montrer le synoptique général d'un tel algorithme.

⁸ Voir [Pub5].

⁹ Et même carrément une procédure d'optimisation.

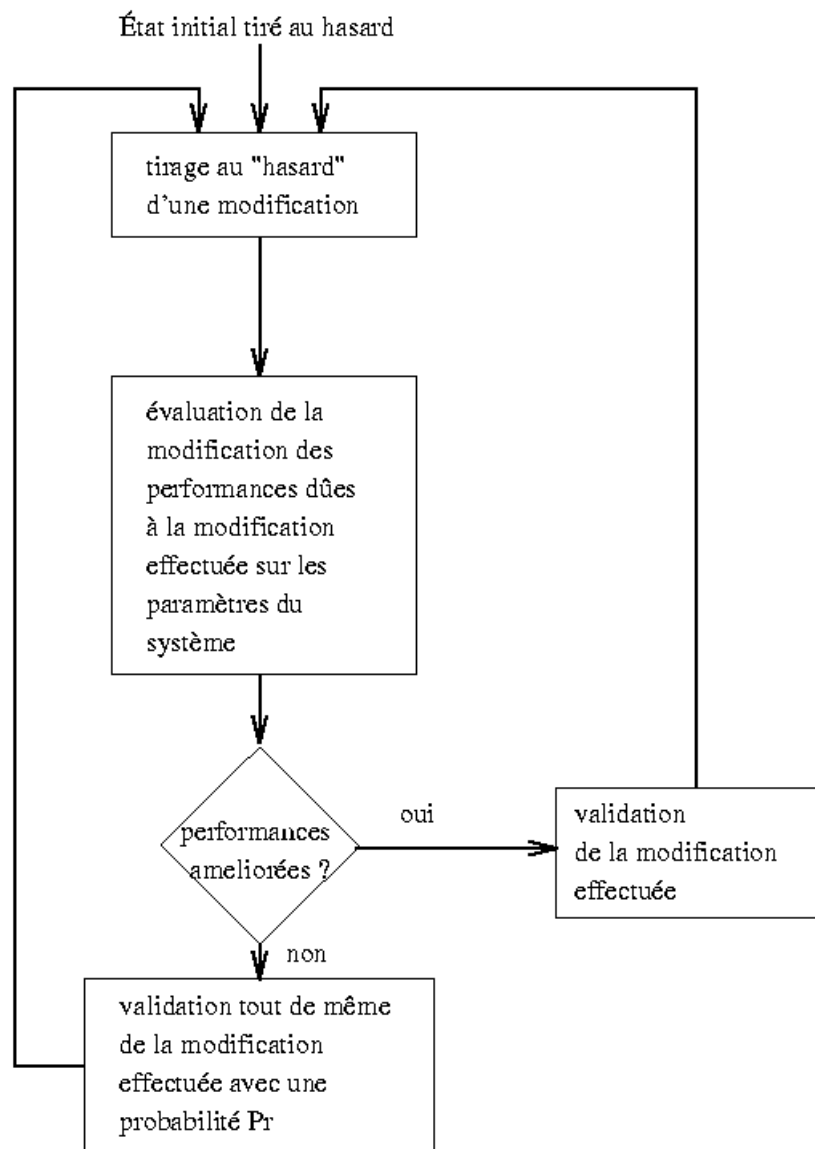


Figure A6.4 - Principe du recuit simulé, "filtre de hasard" ([Ouv23]).

Le fait que les algorithmes de recuit simulé fonctionnent également comme un filtre du hasard les rend assez **proches conceptuellement des algorithmes génétiques**. Ces algorithmes sont en effet assez rapides et robustes face au problème des minima locaux. La principale différence avec les algorithmes génétiques est que ces derniers ne considèrent pas un point isolé de l'espace de recherche migrant vers de meilleures solutions, mais plutôt une population entière d'individus échangeant de l'information et s'adaptant à l'environnement au fur et à mesure.

Cette notion de population est intéressante car elle est responsable d'un parallélisme implicite de l'algorithme génétique, ce qui le rend encore plus rapide. Les algorithmes de recuit simulé, comme les algorithmes génétiques restent encore un peu marginaux dans le domaine du recalage en imagerie médicale.

Annexe 8

Notations adoptées dans nos schémas de modélisation

Dans le chapitre 4, nous utilisons des **diagrammes** pour illustrer les idées importantes de notre modélisation. Certains, tels que des schémas décrivant une arborescence d'objets, sont informels. Mais la plupart comme les *diagrammes statiques* ou les *Design Patterns* (modèles de conception) en particulier, utilisent des **notations plus formelles** pour *dépeindre les relations et interactions entre classes et objets*. Cette annexe décrit brièvement ces notations. Nous utilisons essentiellement *trois types de notations pour les diagrammes*, toutes fondées sur le **langage de modélisation unifié UML**¹ :

- les *diagrammes de classe* décrivant les classes, leurs structures et les relations statiques entre elles.
- les *diagrammes d'objet* détaillant la structure d'un objet particulier à l'exécution
- les *diagrammes de séquence* montrant le flux des requêtes entre les objets.

8.1 Diagramme de classe

La figure A7.1 montre la *notation UML pour les classes abstraites et concrètes*. Une **classe** est représentée par une **boîte** avec à son sommet, le **nom de classe en caractère gras**. Tous les **membres** (ou **variables d'instances**) de la classe figurent en dessous du nom de la classe. Ses **méthodes** (ou **opérations de base**), quant à elles, figure en dessous de ses membres. Les **informations de type, optionnelles ou obligatoires selon le point de vue de modélisation où l'on se situe** (spécification, conception, ou implémentation) sont toujours placées **derrière les membres de la classe et derrière les noms des méthodes** (pour indiquer leur type de retour) ou leurs **paramètres effectifs**. Les **caractères italiques** indiquent que les classes ou les opérations sont **abstraites**. Le **soulignement** des membres ou des opérations dévoilent par contre leur **nature statique**, c-à-d qu'elles ne sont **pas spécifiques à une instance particulière de la classe** mais qu'elles **valent pour la classe toute entière**.

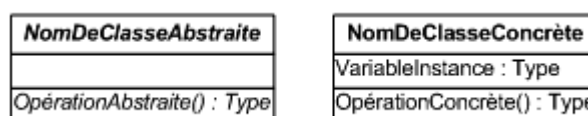


Figure A7.1 - Classes abstraite et concrète ([Ouv34]).

Dans certains *Design Patterns*, il est utile d'observer des classes clientes faisant référence à des classes constituants. Ainsi, quand un modèle comporte une telle classe cliente comme un de ses composants (ce qui implique que la classe a une responsabilité dans le modèle), le client apparaît comme une classe ordinaire de la forme fournie ci-dessous :



Figure A7.2 - Classe Client ([Ouv34]).

La figure A7.3 montre **différents types de relations** que l'on retrouve souvent entre classes.

¹ Pour rappel, *UML*, i.e. *Unified Modeling Language*, est un langage de modélisation de plus en plus utilisé pour le développement de projets informatiques.

La notation *UML* pour l'héritage de classes est une **ligne reliant une sous-classe (*FormeLigne*) à sa classe parente (*Forme*) se terminant par un triangle**. La référence à un objet, qui correspond à la relation de type "partie de" et appelée **relation d'agrégation**, est représentée par une **flèche dotée d'un losange blanc à sa base**. La flèche pointe sur la classe agrégative (c-à-d *Forme*). Dans le cas où cette relation est une **composition** (c-à-d une **relation d'agrégation forte**), le **losange est plein**. Une **flèche sans losange à sa base décrit une relation de dépendance** (c'est ainsi que la classe *FormeLigne* conserve une référence sur un objet *Couleur*). Un **nom pour la référence peut figurer près de la base de la flèche pour la distinguer des autres références...** et surtout **pour expliquer, préciser cette dépendance**. Il est ainsi possible de représenter plusieurs sortes de dépendances entre classes : `<<uses>>`, `<<call>>`, etc.

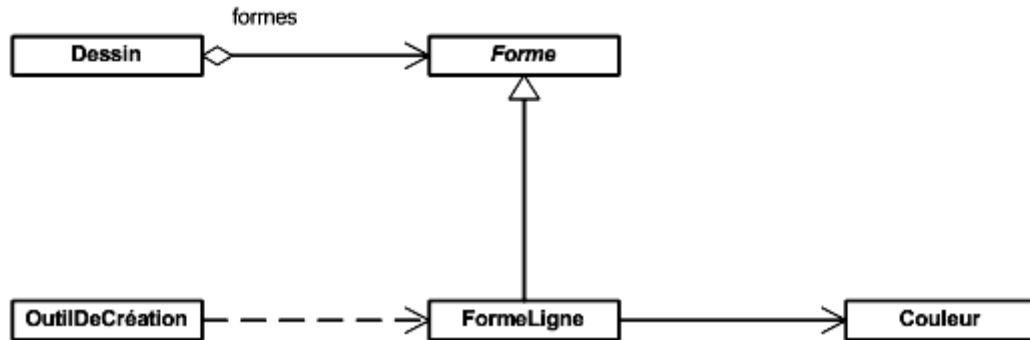


Figure A7.3 - Relations entre classes ([Ouv34]).

De même, on représente facilement une **relation d'instanciation d'une classe par une autre en utilisant une flèche discontinue allant de la classe instanciante à la classe instanciée²**. Pour notre part, nous appelons cette relation `<<instance>>`.

UML permet aussi les associations entre classes, qui apparaissent sous forme de lignes pleines entre les boîtes représentant ces classes. Les associations sont **bidirectionnelles**. Finalement, nous avons incorporé à nos schémas et modèles de conception la possibilité d'intégrer du pseudo-code afin de pouvoir expliciter au mieux ces derniers et à les clarifier. Cela est fait en reprenant la notation *UML* conventionnelle prévue pour les notes... mais en y ajoutant dans son texte le terme "*Pseudo-code*" et en plaçant ce code entre accolades !



Figure A7.4 - Notations en pseudo-code ([Ouv34]).

8.2 Diagramme d'objet

Un **diagramme d'objet** montre exclusivement des instances de classes. Il fournit un instantané des objets dans une configuration du problème qui nous occupe ou dans un modèle de conception particulier. Dans notre représentation, les objets sont nommés "*unquelquechose*" où "*Quelquechose*" est le nom de la classe de l'objet. Notre **symbole pour un objet** est une **boîte dont le nom de l'objet (suivi éventuellement celui de sa classe) est souligné**, avec une ligne séparant ce nom de toutes les références d'objets membres.

² La flèche pointe donc sur l'objet dont l'instance est créée.

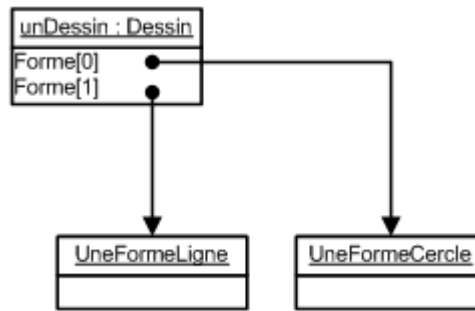


Figure A7.5 - Notation des diagrammes d'objets ([Ouv34]).

8.3 Diagramme de séquence

Un **diagramme de séquence** montre dans quel ordre les requêtes entre les objets sont exécutées. Dans la figure ci-dessous, le **diagramme de séquence** montre comment une forme est ajoutée à un dessin. Dans un tel diagramme, le temps s'écoule selon la verticale du haut vers le bas. Une ligne pleine verticale indique la durée de vie d'un objet particulier. Les conventions de nomination des objets est la même, c-à-d le nom d'un objet instance est postfixé par le nom de la classe correspondante. Si l'objet n'est instancié qu'après que ne se soit écoulé un certain délai figurant sur le diagramme, sa ligne de vie apparaît discontinue jusqu'au point de création.

Un rectangle vertical montre qu'un objet est actif, c-à-d qu'il est en train de traiter une requête. Un objet peut lancer des requêtes à d'autres objets : celles-ci sont représentées par des flèches horizontales pointant sur l'objet destinataire. Le nom de la requête est indiqué au-dessus de la flèche. Une requête de création d'objet est parfois indiquée par une flèche discontinue. Une requête vers l'objet émetteur lui-même pointe en retour vers celui-ci (boucle).

La figure A7.6 montre que la première requête est émise par un *OutilDeCreation* pour créer un objet *uneFormeLigne*. Ultérieurement, un objet *uneFormeLigne* est ajouté à celui *unDessin*, qui s'envoie à lui-même une requête *Rafrâchir*. A noter que l'objet *unDessin* envoie une requête *Dessine* à *uneFormeLigne*, dans le cadre du processus de rafraîchissement.

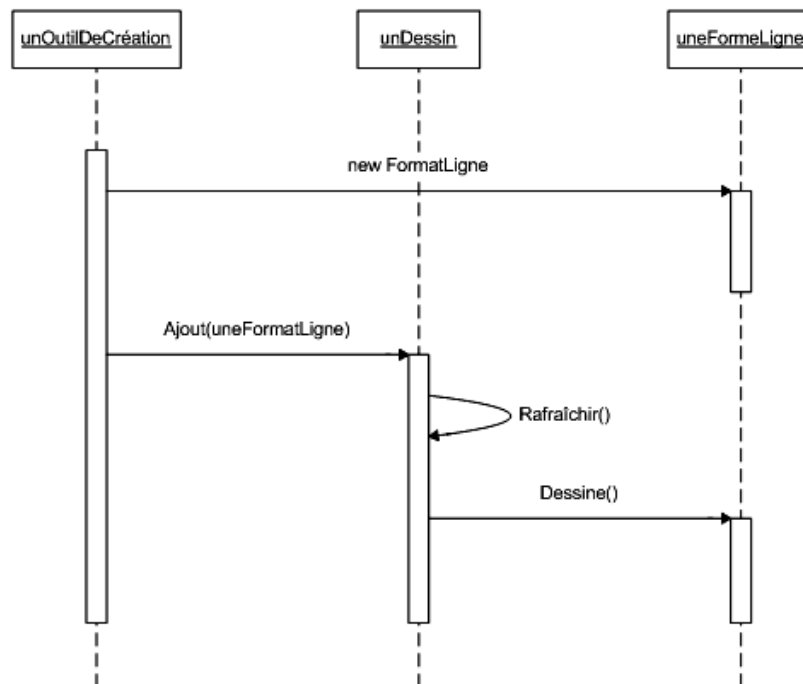


Figure A7.5 - Notation des diagrammes d'objets ([Ouv34]).

Références et Bibliographie

Ouvrages, Thèses et Mémoires

- [Ouv1] Ann COPPENS, "*Apports de la programmation 'orienté-objet' à la conception et la réalisation d'applications en imagerie médicale*", Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de Docteur en Sciences Biomédicales - Orientation Informatique, Faculté de Médecine, UCL, Louvain-La-Neuve, Belgique, 1995.
- [Ouv2] Bernd JÄHNE, "*Digital Image Processing : Concepts, Algorithms, and Scientific Applications*", Second Edition, Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, Allemagne, 1993.
- [Ouv3] Ioannis PITAS, "*Digital Image Processing Algorithms*", Prentice Hall International Ltd, Cambridge, Grande-Bretagne, 1993
- [Ouv4] Rafael C. GONZALEZ et Richard E. WOODS, "*Digital Image Processing*", Addison-Wesley Publishing Company, Reading, U.S.A., September 1993.
- [Ouv5] Alain BLUM et Denis REGENT, "*Scanner hélicoïdal : Principes et modalités, Pratiques d'utilisation*", Masson, Paris, France, 1995.
- [Ouv6] François CLEMENT, "*La reconnaissance de formes en imagerie médicale : une approche multidisciplinaire*", Mémoire présenté en vue de l'obtention du grade de Licencié en Informatique, F.U.N.D.P., Namur, Belgique, 1999.
- [Ouv7] Jean-Philippe THIRAN, "*Représentation et recalage d'images tridimensionnelles par squelettes morphologiques*", Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de Docteur en Sciences Appliquées, U.C.L., Louvain-la-Neuve, Belgique, Juillet 1997.
- [Ouv8] Tzay Y. YOUNG, "*Handbook of Pattern Recognition and Image Processing : Computer Vision*", Academic Press, San Diego, U.S.A., 1994.
- [Ouv9] Alexandre DE JACQUIER DE ROSEE, "*Segmentation and Edge Detection of Medical Images*", Mémoire présenté en vue de l'obtention du grade de Licencié en Informatique, F.U.N.D.P., Namur, Belgique, 1998.
- [Ouv10] J. GIRON, J.-P. SENAC et Collaborateurs, "*Imagerie moderne du cœur et des vaisseaux*", Sauramps Medical, Diffusion Vigot, Montpellier, France, 1986.
- [Ouv11] François VANDERMEERSCH, "*Présentation multimodale en imagerie médicale*", Mémoire présenté en vue de l'obtention du grade de Licencié en Informatique, F.U.N.D.P., Namur, Belgique, 1998.
- [Ouv12] Sabine DURY, "*Etude des techniques d'évaluation de la coregistration : Application au domaine médicale*", Mémoire présenté en vue de l'obtention du grade de Licencié en Informatique, F.U.N.D.P., Namur, Belgique, Septembre 1998.
- [Ouv13] J. SERRA, "*Image Analysis and Mathematical Morphology*", 1, Academic Press, San Diego, U.S.A, 1982.
- [Ouv14] Goesta GRANLUND, Michel KOCHER et Murat KUNT, "*Traitement numérique des images*", Presses Polytechniques et Universitaires Romandes , Traitement de l'Information – Volume 2, Collection Electricité, Suisse, 1993.
- [Ouv15] Patrice DEGOULET et Marius FIESCHI, "*Informatique médicale*", Editions Masson, Paris, 1993.

- [Ouv16] Johan MONTAGNAT, "*Modèles déformables pour la segmentation et la modélisation d'images médicales 3D et 4D*", Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de Docteur en Informatique, I.N.R.I.A. - Sophia Antipolis, France, Décembre 1999.
- [Ouv17] Karl KRISSIAN, "*Traitement multi-échelle : Applications à l'imagerie médicale et à la détection tridimensionnelle de vaisseaux*", Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de Docteur en Sciences - Discipline Informatique et Spécialité Traitement d'images, I.N.R.I.A. - Sophia Antipolis, France, Janvier 2000.
- [Ouv18] Gérard SUBSOL, "*Construction automatique d'atlas anatomiques morphométriques à partir d'images médicales*", Thèse présentée à l'école centrale de Paris en vue de l'obtention du grade de Docteur en Génie des systèmes, I.N.R.I.A. - Sophia Antipolis, France, Décembre 1995.
- [Ouv19] Xavier PENNEC, "*L'incertitude dans les problèmes de reconnaissance et de recalage : application en imagerie médicale et biologie moléculaire*", Thèse présentée à l'école polytechnique en vue de l'obtention du grade de Docteur en Informatique, I.N.R.I.A. - Sophia Antipolis, France, Décembre 1996.
- [Ouv20] Christian BARILLOT, "*Fusion de données et imagerie 3D en Médecine*", Mémoire présenté en vue de l'obtention de l'habilitation à diriger des recherches, Université de Rennes 1, Institut de Formation Supérieure en Informatique et en Communication, France, Septembre 1999.
- [Ouv21] Patrick GROS, "*De l'appariement à l'indexation des images*", Mémoire présenté en vue de l'obtention de l'habilitation à diriger des recherches, Institut Polytechnique de Grenoble, France, Décembre 1998.
- [Ouv22] Christoforos NIKOU, "*Contribution au recalage d'images médicales multimodales : approches par fonctions de similarité robustes et modèles déformables sous contraintes statistiques*", Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de Docteur en Traitement du signal - Spécialité Traitement d'images et Vision par ordinateur, Université Louis Pasteur - Strasbourg I, France, Mai 1999.
- [Ouv23] Jean-Michel ROUET, "*Recalage 3D élastique multimodalité par optimisation génétique*", Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de Docteur en Traitement du signal et Télécommunications, Université de Rennes I, Département Image et traitement de l'information, ENST Bretagne, France, Décembre 1999.
- [Ouv24] David SARRUT, "*Recalage multimodal et plate-forme d'imagerie médicale à accès distant*", Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de Docteur en Informatique, Université Lumière Lyon II, Laboratoire ERIC, France, Janvier 2000.
- [Ouv25] Alexis ROCHE, "*Recalage d'images médicales par inférence statistique*", Thèse présentée à l'Université de Nice - Sophia Antipolis en vue de l'obtention du grade de Docteur en Sciences de l'ingénieur, I.N.R.I.A. - Sophia Antipolis, France, Février 2001.
- [Ouv26] Edouard THIEL, "*Les distances de Chanfrein en analyse d'images : fondements et applications*", Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de Docteur en Mathématiques Appliquées, Université Joseph Fourier - Grenoble I, Institut IMAG, Laboratoire TIMC, France, Septembre 1994.
- [Ouv27] Pascal MONASSE, "*Représentation morphologique d'images numériques et application au recalage*", Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de Docteur en Sciences, Spécialité "Mathématiques", Université Paris IX – Dauphine, U.F.R. Mathématiques de la Décision, France, Juin 2000.

- [Ouv28] Jean-Philippe TAREL, "*Estimation géométrique et appariement en modélisation automatique*", Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de Docteur en Sciences, Spécialité "Mathématiques Appliquées", Université Paris IX – Dauphine, U.F.R. Mathématiques de la Décision, France, Juin 1996.
- [Ouv29] Anne LORETTE, "*Analyse de texture par méthodes markoviennes et par morphologie mathématique : Application à l'analyse des zones urbaines sur des images satellitaires*", Thèse présentée à l'Université de Nice - Sophia Antipolis en vue de l'obtention du grade de Docteur en Sciences de l'ingénieur, I.N.R.I.A - Sophia Antipolis, France, Septembre 1999.
- [Ouv30] Dana H. BALLARD et Christopher BROWN, "*Computer Vision*", Prentice Hall Inc., Englewood Cliffs, New Jersey, U.S.A., 1982.
- [Ouv31] J. MONOD, "*Le hasard et la nécessité*", *Points*, Vol. 43, 1960.
- [Ouv32] D. GOLDBERG, "*Genetic Algorithms in search, Optimization, and Machine Learning*", Addison-Wesley, Reading, M.A., U.S.A., 1989.
- [Ouv33] D. GOLDBERG, "*Algorithmes Génétiques. Exploration, optimisation et apprentissage automatique*", traduit de l'anglais par Vincent CORRUBLE, Addison-Wesley, Reading, M.A., U.S.A., Juin 1994.
- [Ouv34] E. GAMMA, R. HELM, R. JOHNSON, et J. VLISSIDES, "*Design Patterns, Catalogue de modèles de conception réutilisables*", Traduction de JEAN-MARIE LASVERGERES, Vuibert Informatique, Paris, France, 1999.
- [Ouv35] Laurence H. RODRIGUES, "*Building imaging applications with Java technology using AWT Imaging, Java 2D, and Java Advanced Imaging (JAI)*", Addison-Wesley, Boston, U.S.A., Juin 2001.

Articles, Rapports et Publications

- [Pub1] R. ACHARYA, C. HINOJOSA, J. STEVENS, et R. WASSERMAN, "*Biomedical Imaging modalities : a tutorial*", *Computerized Medical Imaging and Graphics*, Vol. 19, n° 1, p. 3-25, 1995.
- [Pub2] W. E. L. GRIMSON, F. A. JOLESZ, R. KIKINIS, et W. M. WELLS III, "*Adaptive segmentation of MRI data*", *First International Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in medicine, CVRMed'95*, Nice, France, 1995.
- [Pub3] N. AYACHE, P. CINQUIN, I. et L. COHEN, F. LEITNER, et O. MONGA, "*Segmentation of complex 3D medical objects : a challenge and a requirement for computer assisted surgery planning and performing*", *Computer Integrated Surgery*, MIT Press, p. 59-74, 1995
- [Pub4] Nicolas AYACHE, "*L'analyse automatique des images médicales : Etat de l'art et perspectives*", Rapport de Recherche n° 3364, I.N.R.I.A., France, Février 1998.
- [Pub5] Jean-Philippe THIRAN, "*Une approche intégrée à l'analyse morphologique d'images bidimensionnelles et tridimensionnelles*", Rapport d'activité du premier mandat, I.R.S.I.A., Belgique, Septembre 1994.
- [Pub6] Jean-Philippe THIRAN, "*Une approche intégrée à l'analyse morphologique d'images bidimensionnelles et tridimensionnelles*", Rapport d'activité du deuxième mandat, F.R.I.A., Belgique, Septembre 1995.

- [Pub7] Equipe EPIDAURE, "*Projet Epidaure (Epidaure : Projet Images, Diagnostic, AUtomatique, RobotiqueE) : Rapport d'activité de l'année 1999*", I.N.R.I.A. - Sophia Antipolis, France, Fin 1999.
- [Pub8] Harvey E. CLINE et William E. LORENSEN, "*Marching Cubes : a high resolution 3D surface reconstruction algorithm.*", *Computer Graphics*, Vol. 21, n° 4, Juillet 1987.
- [Pub9] Tim MCINERNEY, et Demetri TERZOPOULOS, "*Deformable Models in Medical Image Analysis : A Survey*", *Medical Image Analysis*, Vol. 1, n° 2, p. 91-108, 1996.
- [Pub10] B. M. TER HAAR ROMENY, "*Introduction to Scale-Space Theory : Multiscale Geometric Image Analysis*", Rapport de Recherche n° ICU-96-21, Université d'Utrecht, Pays-Bas, Septembre 1996. Il est possible de consulter cet article à l'adresse Internet suivante : <http://www.cv.ruu.nl/Conferences/ScaleSpace97.html>.
- [Pub11] W. HANSON et K. H. HOEHNE, "*Interactive 3D segmentation of MRI and CT volumes using morphological operations*", *Journal of Computer Assisted Tomography*, Vol. 16, n° 2, p. 285-294, Mars/Avril 1992.
- [Pub12] T. KONG et A. ROSENFELD, "*Digital Topology : Introduction and Survey*", *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, Vol. 48, p. 357-393, 1989.
- [Pub13] A. GOURDON et J.-P. THIRION, "*The 3D Marching Lines Algorithm*", *Graphical Models and Image Processing*, Vol. 58, n° 6, p. 503-509, Novembre 1996.
- [Pub14] N. AYACHE, G. MALANDAIN et A. ROCHE, "*Multimodal Image Registration by Maximization of the Correlation Ratio*", Rapport de Recherche n° 3378, I.N.R.I.A., France, Août 1998.
- [Pub15] A. DE JACQUIER DE ROSEE, S. DURY, J. FICHEFET, J.-P. LECLERCQ, H. MEURISSE, F. VANDERMEERSCH, et T. VU KHAC, "*Review and comparison of image coregistration methods*", F.U.N.D.P. – Institut d'Informatique (Namur) et Cliniques Universitaires U.C.L. de Mont-Godinne, Belgique, Janvier 1999
- [Pub16] E. MCVEIGH, "*MRI of myocardial function : motion tracking techniques.*", *Magnetic Resonance Imaging*, 1996.
- [Pub17] R. BAUMANN et D. GLAUSER, "*Force Feedback for Virtual Reality based Minimally Invasive Surgery Simulator*", *Medecine Meets Virtual Reality*, Vol. 4, San Diego, U.S.A., Janvier 1996.
- [Pub18] C. CHAILLOU et P. MESEURE, "*Deformable Body Simulation with Adaptative Subdivision and Cuttings* ", *Proceedings of the WSCG'97*, p. 361-370, Février 1997.
- [Pub19] H. DELINGETTE, "*Towards Realistic Soft Tissue Modeling in Medical Simulation*", *Proceedings of the IEEE : Special Issue on Surgery Simulation*, p. 512-523, Avril 1998.
- [Pub20] J. R. ADLER, P. F. HEMLER, S. NAPEL, E.-J. D. POL, T. S. SUMANAWEEERA et P. A. VAN DEN ELSSEN, "*Gray value correlation techniques used for automatic matching of CT and MR brain and spine images*", *Visualisation in Biomedical Computing 1994*, SPIE 2359, p. 227-237, 1994.
- [Pub21] S. R. CHERRY, J. C. MAZZIOTTA et R. P. WOODS, "*MRI - PET registration with automated algorithm*", *Journal of Computer Assisted Tomography*, Vol. 17, n° 4, p. 536-546, Juillet/Août 1993.
- [Pub22] G. FRIEDER, O. FRIEDER et M. STYTZ, "*Three-Dimensionnal Medical Imaging : Algorithms and Computer Systems*", *ACM Computing Surveys*, Vol. 23, n° 4, 1991.

- [Pub23] G. HERMAN, "*3-D Display : a survey from theory to applications*", *Computerized Medical Imaging and Graphics*, Vol. 17, n° 4, p. 231-242, 1993.
- [Pub24] K.H. HOEHNE, J. NUTMANN, T. SCHIEMANN et U. TIEDE, "*Segmentation of the visible human for high quality volume based visualisation*", *Medical Image Analysis*, Vol. 1, n° 4, 1997.
- [Pub25] E. J. D. POL, M. A. VIERGEVER et P. A. VAN DEN ELSEN, "*Medical image matching : a review with classification*", *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, Vol. 12, n° 4, p. 26-39, Mars 1993.
- [Pub26] S. LAVALLÉE, "*Registration for computer integrated surgery : methodology, state of the art*", *Computer Integrated Surgery*, MIT Press, p. 77-97, 1995.
- [Pub27] J. WEST, "*Comparison and evaluation of retrospective intermodality registration techniques*", *Computer Assisted Tomography*, 1997. Il est possible de consulter cet article sur le Web en allant à <http://cswww.vuse.vanderbilt.edu/image/registration>.
- [Pub28] Hervé DELINGETTE, Grégoire MALANDAIN et Luc SOLER, "*Segmentation automatique : application aux angioscanners 3D du foie*", Rapport de Recherche n° 3496, I.N.R.I.A., France, Septembre 1998.
- [Pub29] Nicholas AYACHE, Hervé DELINGETTE, David REY et Gérard SUBSOL, "*Automatic Detection and Segmentation of Evolving Processes in 3D Medical Images : Application to Multiple Sclerosis*", Rapport de Recherche n° 3559, I.N.R.I.A., France, Novembre 1998.
- [Pub30] Tony LINDBERG, "*Scale-space : a framework for handling image structures at multiple scales*", *CERN School of Computing*, Egmond aan Zee, Pays-bas , Septembre 1996.
- [Pub31] Sylvain PRIMA, Gérard SUBSOL et Jean-Philippe THIRION, "*Statistical Analysis of Dissymmetry in Volumetric Medical Images*", Rapport de Recherche n° 3178, I.N.R.I.A., France, Juin 1997.
- [Pub32] Denis HOCHSTRASSER, Osman RATIB et Jean-Raoul SCHERRER, "*Les réseaux de communication et d'archivage des images médicales*", Unité d'Imagerie Numérique, Centre d'Informatique Hospitalière, Hôpital Cantonal Universitaire de Genève, Suisse, 1991.
- [Pub33] Laurent ASMALEG, Patrick GROS et Rim MEZHOUD, "*Mise en base d'images indexées par des descripteurs locaux : problèmes et perspectives*", Publication Interne n° 1316, I.R.I.S.A., Rennes, France, Mars 2000.
- [Pub34] Lisa Gottesfeld BROWN, "*A survey of image registration techniques*", *ACM Computing Surveys*, Vol. 24, n° 4, Décembre 1992.
- [Pub35] D. HILL, D. HAWKES et C. STUDHOLME, "*Multiresolution voxel similarity measures for MR-PET registration*", dans le recueil "*Information Processing in Medical Imaging*", p. 287-298, Brest, France, 1995.
- [Pub36] C. PELIZZARI et autres, "*Accurate three-dimensional registration of CT, PET and/or MR images of the brain*", *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 13, n° 1, p. 20-26, 1989.
- [Pub37] H. A. COHEN, E. PISSALOUX, J. YOU et W. ZHU, "*Efficient image matching : A hierarchical chamfer matching scheme via distributed system*", *Real Time Imaging*, Vol. 1, p. 245-259, 1995.
- [Pub38] P. J. BESL et N. MCKAY, "*A method of registration of 3-D shapes*", *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 14, p. 239-256, PAMI, 1992.

- [Pub39] J. Michael FITZPATRICK et Calvin R. MAURER, "*Registration of 3-D images using weighted geometrical features*", *IEEE Transaction on Medical Imaging*, Vol. 15, 1996.
- [Pub40] W. M. WELLS, "*Multi-modal volume registration by maximization of mutual information*", Mars 1996.
- [Pub41] C. NIKOU et autres, "*Recalage sous-voxel d'images médicales multimodales par une approche robuste*", *GRETSI '97*, Vol. 2, Grenoble, France, Septembre 1997.
- [Pub42] A. COLLIGNON, "*3D multimodality medical image registration using feature space clustering*", *Proceedings of CVRMed '95*, Vol. 905, p. 195-204, 1995.
- [Pub43] A. COLLIGNON, "*Automated multimodality image registration using information theory*", *Information Processing in Medical Imaging*, p. 263-275, Brest, France, 1995.
- [Pub44] A. COLLIGNON, "*Multimodality image registration by maximisation of mutual information*", *IEEE Transaction on Medical Imaging*, Vol. 16, n° 2, Mars 1997.
- [Pub45] J.-P. THIRION, "*Fast non-rigid matching of 3-D medical images*", Rapport de recherche n° 2547, I.N.R.I.A., Nice - Sophia Antipolis, France, Mai 1995.
- [Pub46] M. BRAMELETTE, "*Initialization, mutation and selection methods in genetic algorithms for function optimization*", *Fourth International Conference on Genetic Algorithms*, San Diego, C.A., 1991.
- [Pub47] X. LEI et L. H. STAIB, "*Intermodality 3-D medical imaging registration with global search*", *IEEE Workshop on Biomedical Analysis '94*, p. 225-234, 1994.
- [Pub48] BRUNSTRÖM et STODDART, "*Genetic algorithms for free-form surface matching*", *ICPR '96*, Mars 1996.
- [Pub49] J.-J. JACQ et C. ROUX, "*Automatic registration of 3-D images using a simple genetic algorithm with a stochastic performance function*", *Proceeding of EMBS '93*, p. 90-91, San Diego, U.S.A., Octobre 1993.
- [Pub50] J.-J. JACQ et C. ROUX, "*Registration of 3D images by genetic optimization*", *Pattern Recognition Letters*, Vol. 16, n° 8, p. 823-841, Août 1995.
- [Pub51] J.-J. JACQ, J.-M. ROUET et C. ROUX, "*Recalage 3D élastique de surfaces numériques par optimisation génétique*", *GRETSI '97*, Vol. 2, Grenoble, France, Septembre 1997.
- [Pub52] M. POWELL, "*An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives*", *The computer journal*, Vol. 4, p. 155-162, 1964.

Sites Internet

- [Web1] <http://www.spieao.u-nancy.fr/serveurfac/memoire-html/imagerie/imagerie.html>
- [Web2] <http://www.radiologie-nice.com/>
- [Web3] <http://www.rez-metz.esse-metz.fr/themes/imagerie/imagerie99/scannerX/scannerX.htm>
- [Web4] <http://perkins.free.fr/>
- [Web5] <http://cri-cirs-wnts.univ-lyon1.fr/Polycopies/MedecineNucleaire/Imagerie/>

- [Web6] <http://www.scanner-du-bocage-sa.fr/>
- [Web7] http://www.hospvd.ch/chuv/rad/fr/rad_fr_tra_pat_pres.htm
- [Web8] <http://www.montchoisi.ch/radiologie.html>
- [Web9] http://www.imageriedusport.com/activites/page_visite/les_techniques.htm
- [Web10] http://www.chl.lu/html/glossaire_biomedical/
- [Web11] <http://www.tera.it/mostra/>
- [Web12] <http://www-poleia.lip6.fr/gis.cognition/imgcer1.html>
- [Web13] <http://www.uro.bicetre.org/imagerie/techniq.htm>
- [Web14] <http://www.fo-rothschild.fr/im-internet-for/diff-tdm-irm.html>
- [Web15] <http://www.optika21.com/03-magazine/insolite/scanner.asp>
- [Web16] <http://www.multimania.com/irm14/pages/frames.html>
- [Web17] <http://www.ela-asso.com/Leuco/fIRM.html>
- [Web18] <http://www.hap.be/chambor/irm.htm>
- [Web19] <http://www.mni.mcgill.ca/nm/1998f/mrifr.html>
- [Web20] <http://www.pratique.fr/sante/examcomp/em32e03.htm>
- [Web21] <http://www.ccr.jussieu.fr/radioactivite/applications/imagerie.html>
- [Web22] http://www-vanille.bruyeres.cea.fr/Ecole_ete/Documents/2000/NumÈrique/Tomographie.htm
- [Web23] <http://laennec.univ-lyon1.fr/SCIENTIFIQUE/IFC/College/Membres/Pbruyant/Emission/>
- [Web24] <http://www.ccr.jussieu.fr/radioactivite/applications/imagerie.html>
- [Web25] <http://www-sop.inria.fr/epidaure/Gallery/>
- [Web26] <http://vkiller.multimania.com/cours/uml/>
- [Web27] http://www.stm.tj/objet/modelisation_avec_uml.html
- [Web28] <http://www.ajug.org/info/tech/uml/uml.html>
- [Web29] http://iae.univ-nantes.fr/insertio/pages_etudiant/uml/info_uml/documl.html
- [Web30] <http://uml.free.fr/>
- [Web31] http://www.mindspring.com/~mgrand/pattern_synopses.htm
- [Web32] <http://pages.cpsc.ucalgary.ca/~jonesb/seng/609.04/summaries.html>
- [Web33] <http://exciton.cs.oberlin.edu/javaresources/DesignPatterns/StrategyPattern.htm>
- [Web34] http://sern.ucalgary.ca/courses/seng/609.04/W98/adi/strategy_lib.html